

B149

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局(43) 国際公開日
2001年2月8日 (08.02.2001)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 01/09317 A1(51) 国際特許分類: C12N 15/12, C07K
14/47, C12N 5/10, 1/21, 1/19, C12P 21/02, C07K 16/18,
G01N 33/53, 33/577, C12Q 1/02, 1/68

(21) 国際出願番号: PCT/JP00/05063

(22) 国際出願日: 2000年7月28日 (28.07.2000)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願平11/248036 1999年7月29日 (29.07.1999) JP
特願平11/300253 1999年8月27日 (27.08.1999) JP
60/159,590 1999年10月18日 (18.10.1999) US
特願2000/118776 2000年1月11日 (11.01.2000) JP
60/183,322 2000年2月17日 (17.02.2000) US
特願2000/183767 2000年5月2日 (02.05.2000) JP
特願2000/241899 2000年6月9日 (09.06.2000) JP(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 株式会社
ヘリックス研究所 (HELIX RESEARCH INSTITUTE)
[JP/JP]; 〒292-0812 千葉県木更津市矢那1532番地3
Chiba (JP).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてののみ): 太田紀夫 (OTA,
Toshio) [JP/JP]; 〒251-0042 神奈川県藤沢市辻堂新町
1-2-7-105 Kanagawa (JP). 磯貝隆夫 (ISOGAI, Takao)
[JP/JP]; 〒300-0303 茨城県稲敷郡阿見町大室511-12Ibaraki (JP). 西川哲夫 (NISHIKAWA, Tetsuo) [JP/JP];
〒173-0013 東京都板橋区氷川町27-3-403 Tokyo (JP).
林 浩司 (HAYASHI, Koji) [JP/JP]; 〒299-0125 千
葉県市原市有秋台西1-9-446 Chiba (JP). 齋藤 薫
(SAITO, Kaoru) [JP/JP]; 〒292-0056 千葉県木更津市
木更津2-8-1-201 Chiba (JP). 山本順一 (YAMAMOTO,
Jun-ichi) [JP/JP]; 〒292-0041 千葉県木更津市清見台
東3-28-3-A101 Chiba (JP). 石井静子 (ISHII, Shizuko)
[JP/JP]; 〒292-0812 千葉県木更津市矢那4508-19-202
Chiba (JP). 杉山友康 (SUGIYAMA, Tomoyasu) [JP/JP];
〒292-0045 千葉県木更津市清見台2-6-23-102 Chiba
(JP). 若松 愛 (WAKAMATSU, Ai) [JP/JP]; 〒292-0014
千葉県木更津市高柳1473-4-202 Chiba (JP). 永井啓
一 (NAGAI, Keiichi) [JP/JP]; 〒207-0022 東京都東大
和市桜が丘3-44-14-9-204 Tokyo (JP). 大槻哲嗣 (OT-
SUKI, Tetsuji) [JP/JP]; 〒292-0055 千葉県木更津市
朝日3-1-10-B102 Chiba (JP). 油谷浩幸 (ABURATANI,
Hiroyuki) [JP/JP]; 〒180-0003 東京都武蔵野市吉
祥寺南町3-30-16 Tokyo (JP). 児玉龍彦 (KODAMA,
Tatsuhiko) [JP/JP]; 〒141-0021 東京都品川区上大崎
2-13-22-909 Tokyo (JP). 緑川 泰 (MIDORIKAWA,
Yutaka) [JP/JP]; 〒141-0022 東京都品川区東五反田
4-3-30-202 Tokyo (JP).(74) 代理人: 清水初志, 外 (SHIMIZU, Hatsushi et al.); 〒
300-0847 茨城県土浦市卸町1-1-1 関鉄つくばビル6階
Ibaraki (JP).(81) 指定国 (国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB,
BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM,
DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL,
IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV,
MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT,

(続葉有)

(54) Title: STOMACH CANCER-ASSOCIATED GENE

(54) 発明の名称: 胃癌関連遺伝子

(57) Abstract: A gene showing a change in the expression level in stomach cancer or stomach cancer metastatic focus. This gene and the protein encoded thereby are useful in presuming the cancerization of stomach cancer or the malignancy of scirrhous stomach cancer. Also, it is expected that the above gene and protein are usable as the target in designing drugs.

(57) 要約:

本発明は、胃癌や胃癌の転移巣において発現レベルが変化している遺伝子を提供する。本発明の遺伝子、ならびにそれがコードするタンパク質は、胃癌の癌化や、スキルス胃癌の悪性度の予測において有用である。また、胃癌の発生やその転移を防止するための創薬ターゲットとして期待できる。

WO 01/09317 A1



RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA,
UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

添付公開 類:
一 国際調査報告

(84) 指定国 (広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW,
MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM,
AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT,
LU, MC, NL, PT, SE), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI,
CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

2文字コード及び他の略語については、定期発行される
各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語
のガイダンスノート」を参照。

明細書

胃癌関連遺伝子

技術分野

本発明は、胃癌に関連する遺伝子に関する。

背景技術

胃癌は世界的に見ても日本人に多く見られる癌であり、日本における癌死亡原因の上位にランクされる重要な疾病である。胃癌は、早期に発見されて、早期に外科的に治療できたケースでは5年生存率も90%を超える良好な成績が得られている。一方、手術不能な進行癌や転移を有するケースでは有効な抗癌剤が開発されていないため、予後不良である。

臨床現場で有用な、胃癌特異的腫瘍マーカーが開発されていないことが、胃癌の早期発見を困難にしている。胃癌の発癌や悪性化と関連して発現が増加する遺伝子についての報告は少ないため、早期発見につながる胃癌の指標は知られていない。そのため胃癌の早期発見を目的とするスクリーニング方法として、X線間接撮影が広く行われてきた。しかしX線の被曝の機会を増やすことや、読影技術によって検査成績が大きく左右されることなどの問題点が指摘された。その後、血清ペプシノーゲンの値が、胃癌の先行病変である萎縮性胃炎を反映することが報告され、胃癌のスクリーニング方法に応用された。しかしペプシノーゲンは、胃で分泌される消化酵素の前駆体であり、胃癌治療の標的分子とすることはできない。また、ペプシノーゲン法は胃癌の悪性度の指標とはならない。

胃癌の原因遺伝子が同定されれば、その発現レベルや活性化を指標として胃癌の早期発見が可能となる。あるいは、胃癌の発癌や悪性化にともなって発現レベルが変化する遺伝子を見出すことができれば、やはり胃癌の早期発見や予後の推

定を容易にするものと期待できる。

一方、胃癌患者の中には、原発巣を切除したにもかかわらず治癒しなかった例（非治癒切除症例）もしばしば認められる。その大きな原因は、腹膜播種（peritoneal metastasis）である（外科治療 75: 96-102, 1996, Jpn. Surgery 19: 153, 1989）。腹膜播種は、胃癌切除手術後の再発形式で最も頻度の高いものである。腹膜播種に対する様々な治療方法が試みられたが、未だに十分な成績は得られていない。腹膜播種はスキルス胃癌（scirrhous gastric cancer）に特徴的な進展様式といえる（日病会誌 81: 21-49, 1992）。

胃癌の腹膜播種は、漿膜から遊離した癌細胞が腹膜に着床して増殖するという、単純な過程から成立しているものと予想される。しかし、腹膜内に遊離した癌細胞の全てが播種形成に至ることは無い。このことは、スキルス胃癌に由来する細胞をヌードマウスの腹腔に移植しても播種を形成する頻度が低いことから推測される。したがって、特殊な形質を有する細胞だけが播種の形成に至るのではないかと予想されているが、播種形成の詳細な機序については明らかにされていない。

これまでの報告によれば、次のような特徴を持つスキルス胃癌に比較的腹膜播種が多くみられるとされている（日消外会誌 23: 1813-1820, 1990、日消外会誌 25: 763-774, 1992）。

肉眼型では 3 型、あるいは 4 型の浸潤型

組織型では低分化型

高度のリンパ節転移陽性例

しかし現実には、このような臨床病理学的な特徴だけで腹膜播種形質を説明することは難しい。そこで、腹膜播種の機序を明らかにするために、高腹膜播種細胞株 OCUM-2MD3 が樹立された。OCUM-2MD3 は、腹膜播種を起こしにくい親株 OCUM-2M から誘導された亜株である。親株 OCUM-2M は、スキルス胃癌原発巣から樹立された胃癌細胞株で、腹膜播種はヌードマウスの腹腔に接種しても腹膜播種を起こすこ

とは稀である。一方その亜株OCUM-2MD3は、 5×10^6 個以上の細胞数で100%の播種形成が見られる(Br. J. Cancer 72:1200-1210, 1995, Clin & Exp Metastasis 14: 43-54, 1996)。OCUM-2MD3は、親株OCUM-2Mをマウスの腹腔に接種し、腹膜播種を起こした細胞を回収して再び培養系で増殖させ、更にこれをヌードマウスの腹腔に接種して認められた腹膜播種巣から樹立した細胞株である。これまでに樹立された胃癌細胞株の多くは腹膜播種を起こさないで、高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3は胃癌の腹膜播種の代表的なモデルとして用いられている。

高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3を実験材料として、腹膜播種に関連すると思われるいくつかの分子の存在が明らかにされた。たとえば細胞接着因子であるE-カドヘリンは、親株OCUM-2Mに比べてOCUM-2MD3において低下している。このことは、OCUM-2MD3が細胞間接着が弱く、そのため原発巣から離脱しやすいことを裏付けている。また、癌細胞の浸潤に密接に関連している細胞外マトリックス分解酵素MMPの一つであるMMP-1の産生が、親株OCUM-2Mに比べてOCUM-2MD3において上昇している。MMP-1は胃壁の構成タンパク質に特徴的なタイプ1コラーゲンやタイプ3コラーゲンに作用する酵素であることから、MMP-1の産生は原発巣から腹腔への離脱傾向を裏付けているといえる。事実、マトリゲルへの浸潤能をinvasion assayによって比較すると、OCUM-2MD3は親株OCUM-2Mに比べて高い浸潤能を示す。

他方、癌細胞の腹膜への接着を支える因子として、CD44Hや β_1 -インテグリンファミリーの存在が明らかにされた。これらの接着因子は、OCUM-2MD3で発現が亢進している。腹膜中皮に存在するヒアルロン酸がCD44の、そして腹膜間質を構成するフィブロネクチンやラミニンが β_1 -インテグリンファミリーのリガンドとして機能し、OCUM-2MD3の腹膜への接着を助けている可能性が示唆されている(Jap J. Cancer Res. 87:1235-1244, 1996, Br. J. Cancer 74:1406-1412, 1996)。

このように腹膜播種を裏付ける様々な因子の存在が明らかにされてきたが、その治療にはなかなか結びついていないといわざるを得ない。したがって、腹膜播種の治療に結びつく可能性を持った新たな因子の解明が望まれている。

発明の開示

本発明の課題は、胃組織の癌化や、胃癌の悪性度を反映してその発現レベルが変化する遺伝子の提供である。

本発明者らは、胃癌細胞と正常細胞との間で遺伝子の発現状態を比較することによって、癌細胞で発現レベルの変化している遺伝子を見出すことができると考えた。現在、数万個から十萬個と推定されているヒト遺伝子の中で、どの遺伝子の発現が胃癌で変化しているのかを明らかにするためには、多数の遺伝子の発現レベルを同時に比較解析できる技術が必須である。遺伝子の発現レベルの比較は、一般にディファレンシャル解析と呼ばれる解析手法である。ディファレンシャル解析には、従来northern blot法やRT-PCRが用いられていた。しかし、細胞で発現している全ての遺伝子を対象として、このような手法を適用するためには、莫大な労力と時間が必要になり、現実的でない。この他、遺伝子の発現状態の比較方法として、Differential Display法（DD法）も公知である。しかしDD法は、最終的に同定できる遺伝子の数が必ずしも多くないうえに高度な技術と多くの労力が必要とされる。

DNAチップは、予め塩基配列がわかっている数万から数10万種類におよぶオリゴヌクレオチド、あるいはポリヌクレオチドを高密度に固定したアレイで構成される。分析すべきターゲットを蛍光標識し、このプローブアレイと接触させる。ターゲットには、一般に様々な細胞に由来するcDNAや、cDNAを鋳型として合成されたcRNAが用いられる。ハイブリダイズ後にアレイを良く洗浄し、アレイ上に残る蛍光標識をスキャンして、どのプローブにターゲットがハイブリダイズしているのか、またその量はどの程度であるのかが明らかにされる。一連の操作は、ごく短時間に、しかも簡単に行うことができる。また1回の分析で数万から数10万種類におよぶ塩基配列について、個々の塩基配列の有無と量に関する情報が得られる。このようにして得られた情報は、発現プロファイル(expression profile)

と呼ばれている。ディファレンシャル解析をDNAチップによって行うには、異なる細胞の間で発現プロファイルを比較し、発現パターンの違っている塩基配列を選択すれば良い。

胃癌細胞に特異的に見出される遺伝子の発現レベルの変化を検出するには、例えば、胃癌細胞と正常細胞の組み合わせ、または原発性の胃癌細胞と転移癌細胞の組み合わせなどにおいて、遺伝子の発現レベルを比較し、胃癌細胞または悪性化において特異的に発現レベルが変化する遺伝子を同定する。このような考えかたに基づいて、本発明者らは、癌患者から採取した癌組織については、その癌腫と同じ組織に由来する正常組織や、転移腫瘍組織との比較を行った。

あるいは、高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3に特異的に発現している遺伝子を単離すれば、スキルス胃癌の腹膜播種に関連する因子を明らかにできる可能性がある。本発明者らは、基本的な遺伝形質が共通でありながら、腹膜播種を引き起こす能力においてのみ相違する親株であるOCUM-2Mとの比較を行うことによって、効率的な遺伝子の単離が行えるのではないかと考えた。

こうして選択された塩基配列をもとに、cDNAライブラリーをスクリーニングすれば、最終的に癌細胞で特異的に発現レベルが変化している遺伝子を単離することができる。cDNAライブラリーは、癌細胞や正常細胞から公知の方法によって合成することができる。しかし、一般的な方法で合成されたcDNAライブラリーを用いたクローニングと、遺伝子の構造決定は、複数のポジティブクロンの配列決定とアセンブルを繰り返す時間のかかる作業である。本出願人は、cDNAライブラリーとして本出願人が構築した全長cDNAライブラリーとその塩基配列を収録したデータベースを利用することにより、このスクリーニングをきわめて迅速に行えることを見出した。

本発明に用いた全長cDNAライブラリーは、オリゴキャップ法 [K. Maruyama and S. Sugano, Gene, 138: 171-174 (1994); Y. Suzuki et al., Gene, 200: 149-156 (1997)] を応用して合成した全長率の高いものである。その5'側塩基配列の全てと、

3' 側塩基配列の大部分が明らかにされている。またその全長塩基配列についても、順次明らかにされつつある。そしてこの明らかにされた部分塩基配列、あるいは全長塩基配列と、公知の遺伝子やESTの塩基配列とのホモロジーサーチの結果が、すでにデータベース化されている。

このデータベースを用いて、DNAチップによるディファレンシャル解析の結果に基づいて選択された塩基配列に一致する塩基配列を備えたクローンを見つけ出せば、ハイブリダイゼーションによるクローニングによらず全長cDNAクローンの取得が可能である。本発明は、このような経緯を経て完成された。すなわち本発明は、次のポリヌクレオチド、およびこのポリヌクレオチドによってコードされるタンパク質、並びにそれらの用途に関する。

表 1. 本発明による塩基配列とアミノ酸配列の配列番号の対応

配列名	塩基配列	アミノ酸配列
C-HEMBA1002150	1	2
C-HEMBA1002417	3	4
C-HEMBA1002475	5	6
C-HEMBA1002716	7	
C-HEMBA1003615	8	9
C-HEMBA1003805	10	11
C-HEMBA1004055	12	13
C-HEMBA1004669	14	15
C-HEMBA1004889	16	17
C-HEMBA1005621	18	19
C-HEMBA1006676	20	21
C-HEMBA1007085	22	23
C-HEMBB1001294	24	25
C-HEMBB1001482	26	27
C-HEMBB1002600	28	29
C-MAMMA1000284	30	31
C-MAMMA1000416	32	33
C-MAMMA1001388	34	35
C-MAMMA1002143	36	37
C-MAMMA1002351	38	39
C-MAMMA1002461	40	41
C-NT2RM1000039	42	43
C-NT2RM1000055	44	45
C-NT2RM1000355	46	47
C-NT2RM1001105	48	49
C-NT2RM2000101	50	51
C-NT2RM2000522	52	53
C-NT2RM2001345	54	55
C-NT2RM2001637	56	57
C-NT2RM2001696	58	59
C-NT2RM4000027	60	61
C-NT2RM4000514	62	63
C-NT2RM4001155	64	65
C-NT2RM4001382	66	67
C-NT2RM4002390	68	69
C-NT2RM4002593	70	
C-NT2RP2000289	71	72
C-NT2RP2000459	73	74
C-NT2RP2001327	75	76
C-NT2RP2001420	77	78
C-NT2RP2002193	79	80
C-NT2RP2002208	81	82
C-NT2RP2002606	83	84
C-NT2RP2003272	85	86
C-NT2RP2004013	87	88
C-NT2RP2004242	89	90
C-NT2RP2005360	91	92
C-NT2RP3000109	93	94
C-NT2RP3000605	95	96
C-NT2RP3001730	97	98
C-NT2RP3002273	99	100

C-NT2RP3002399	101	102
C-NT2RP3002818	103	104
C-NT2RP3002948	105	106
C-NT2RP3003290	107	108
C-NT2RP3003876	109	110
C-NT2RP3004041	111	112
C-NT2RP4000973	113	114
C-OVARC1000781	115	116
C-OVARC1001270	117	118
C-OVARC1001726	119	120
C-PLACE1000133	121	122
C-PLACE1000786	123	124
C-PLACE1001845	125	126
C-PLACE1004506	127	128
C-PLACE1005409	129	
C-PLACE1005603	130	131
C-PLACE1006037	132	133
C-PLACE1006469	134	135
C-PLACE1008947	136	137
C-PLACE3000242	138	139
C-PLACE4000052	140	141
C-THYRO1000401	142	143
C-Y79AA1000258	144	145
C-Y79AA1000784	146	147
C-Y79AA1001781	148	149

(1) 下記 (a) から (d) のいずれかに記載のポリヌクレオチド。

(a) 表 1 に示す配列番号に記載された塩基配列のいずれかを含むポリヌクレオチド、

(b) 表 1 に示す配列番号に記載のアミノ酸配列のいずれかからなるタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(c) 表 1 に示す配列番号に記載のいずれかのアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、および/または付加したアミノ酸配列からなり、前記アミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(d) 表 1 に示す配列番号に記載されたいずれかの塩基配列からなるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドによってコードされ、前記塩基配列によってコードされるアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

- [2] [1] に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質の部分ペプチドをコードするポリヌクレオチド。
- [3] [1]、または [2] に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質、または部分ペプチド。
- [4] [1]、または [2] に記載のポリヌクレオチドを含むベクター。
- [5] [1]、もしくは [2] に記載のポリヌクレオチド、または [4] に記載のベクターを保持する形質転換体。
- [6] [5] に記載の形質転換体を培養し、発現産物を回収する工程を含む、[3] に記載の蛋白質または部分ペプチドの製造方法。
- [7] [1]、または [2] に記載のポリヌクレオチド、またはその相補鎖に相補的な塩基配列からなる少なくとも 15 塩基の長さを有するポリヌクレオチド。
- [8] [3] に記載の蛋白質または部分ペプチドに対する抗体。
- [9] [3] に記載の蛋白質と、[8] に記載の抗体の免疫学的な反応を観察する工程を含む、免疫学的測定方法。
- [10] 次の工程を含む、[1] に記載のポリヌクレオチドの発現を制御する化合物をスクリーニングする方法。
-
- (a) 胃癌細胞に候補化合物を接触させる工程、
- (b) 表 1 に示す配列番号に記載された塩基配列からなる遺伝子の胃癌細胞における発現レベルを、対照と比較する工程、
- (c) 遺伝子の発現レベルを変化させる候補化合物を選択する工程、
- [11] 胃癌の発生および／または転移の制御における [10] に記載の方法によって得ることができる化合物の使用。
- [12] 次の工程を含む、胃癌の検出方法。
- (a) 生体試料中の [1] に記載のポリヌクレオチドを測定する工程、
- (b) (a) の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程
-

〔13〕 次の工程を含む、胃癌の検出方法。

（a）生体試料中の〔3〕に記載の蛋白質および／または部分ペプチドを測定する工程、

（b）（a）の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程

本発明は、胃癌に関連する単離されたポリヌクレオチドに関する。本発明によって提供されるポリヌクレオチドは、正常組織と比較して、胃癌において特異的に発現レベルが変化している遺伝子、および／または原発性癌組織と比較して、転移癌において発現レベルが変化している遺伝子の塩基配列からなる。あるいは本発明によって提供されるポリヌクレオチドは、腹膜播種を起こしやすい胃癌細胞において特異的に発現レベルが変化している遺伝子の塩基配列からなる。

本発明においてポリヌクレオチドは、DNA、cDNAの他、ゲノムDNA、化学合成DNAあるいはRNAを含む。また本発明のポリヌクレオチドは、天然のヌクレオチドのみならず、人工的に合成されたヌクレオチド誘導体や、標識を導入したヌクレオチドを含むことができる。本明細書においては、ポリヌクレオチドに対して、用語オリゴヌクレオチドを用いる。オリゴヌクレオチドは、そのヌクレオチド鎖が短いことを意味する。用語ポリヌクレオチドには、オリゴヌクレオチドも含まれる。また本発明のポリヌクレオチドは、例えば、ベクター、自律複製性のプラスミドもしくはウイルス、または原核生物もしくは真核生物のゲノムDNAに組み込まれた組換えポリヌクレオチド、またはその他の配列とは独立した分離分子として存在する組換えポリヌクレオチドを含む。更に本発明のポリヌクレオチドは、付加的なポリペプチド配列をコードするハイブリッド遺伝子の一部として存在する組換えDNAも含まれる。

本発明によって提供されるポリヌクレオチドの望ましい塩基配列の配列番号は表1に示したとおりである。表1には、これらの塩基配列がコードする蛋白質のアミノ酸配列の配列番号を併記した。本発明は、これらアミノ酸配列からなる蛋

白質を提供する。

表1に示された遺伝子の発現プロファイルは表2に示されている。表2の選出法に「5a」(#5で#3の5倍以上)、「5b」(#5で#12の5倍以上)、または「5c」(#5で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上)と記載された配列で示される遺伝子は、SCIDマウスの皮下へ移植後に腫瘍を形成したヒト胃癌細胞(#5)における発現が、正常胃粘膜(#3または#12)での発現よりも5倍以上、あるいは正常胃粘膜#3および#12双方に対して3倍以上増加したことを示しており、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。この条件に該当する遺伝子は、以下のものが含まれる:MAMMA1002351、NT2RP2001327、NT2RM1000355、Y79AA1000784、NT2RM4001382、NT2RM1000055、PLACE1008947、MAMMA1002461、NT2RP3004041、NT2RM2001637、PLACE1006469、HEMBA1002417、HEMBB1002600、NT2RM4002390、Y79AA1000258、NT2RM4000027、MAMMA1002143、NT2RP4000973、NT2RP2005360、HEMBA1003615、NT2RM2000522、HEMBA1002475、NT2RP2004242、NT2RM2001637、Y79AA1000784、NT2RM4001382、HEMBA1004889、HEMBA1006676、NT2RM2001696、NT2RM4002593、Y79AA1001781、HEMBA1003805、NT2RP2002606、NT2RP3003876、OVARC1001726、HEMBA1005621、NT2RM4000514、NT2RM1000039、MAMMA1001388、MAMMA1001388、HEMBA1007085、NT2RM2001345、NT2RP2000289、NT2RM4001155、および NT2RP3002818。

また、表2の選出法に「13a」(#13で#3の5倍以上)、「13b」(#13で#12の5倍以上)、「13c」(#13で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上)、「18a」(#18で#3の5倍以上)、「18b」(#18で#12の5倍以上)、または「18c」(#18で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上)と記載された配列で示される遺伝子は、胃癌に由来する臨床検体(#13または#18)における発現が、正常胃粘膜(#3または#12)での発現よりも5倍以上増加、あるいは、正常胃粘膜#3および#12双方に対して3倍以上増加したことを示しており、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。この条件に該当する遺伝子は以下のものが含まれる:HEMBB1001294、NT2RP2001327、NT2RP2000459、Y79AA1000784、NT2RM4001382、HEMBA1002716、NT2RP2002193、

THYR01000401、OVARC1000781、PLACE4000052、NT2RP3002948、PLACE1001845、PLACE1006469、PLACE1000786、MAMMA1000416、PLACE1005409、NT2RP3000605、NT2RM4002390、HEMBA1004055、PLACE1005603、HEMBA1002150、Y79AA1000258、NT2RM1001105、PLACE1006037、OVARC1001270、HEMBA1001482、MAMMA1000416、PLACE1000133、NT2RP2004013、PLACE3000242、NT2RP3003290、HEMBA1006676、NT2RM2001696、HEMBA1007085、NT2RP3000109、PLACE1004506、PLACE1005409、NT2RP2003272、HEMBA1005621、NT2RP3002399、NT2RM2000101、NT2RP2002208、NT2RM4000514、NT2RP3002273、MAMMA1000284、HEMBA1007085、HEMBA1004669、および NT2RP3001730。

また、表2の選出法に「14」と記載された配列で示される遺伝子は、胃癌組織(#13)よりリンパ節転移巣(#14)で5倍以上発現が上昇したことを示しており、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。この条件に該当する遺伝子は以下のものが含まれる：NT2RP2001420、PLACE1000786、および MAMMA1002143。

また、配列番号：34（アミノ酸配列は配列番号：35）で示される配列を持つ遺伝子「MAMMA1001388」は、胃癌細胞株OCUM-2M（2M）より腹膜播種能の高い胃癌細胞株OCUM-2MD3（D3）で5倍以上発現が上昇することが判明し、胃癌において発現が増加する遺伝子として選択された。

本発明のポリヌクレオチドとしては、本発明の蛋白質をコードしうるものであれば、その形態に特に制限はなく、cDNAの他、ゲノムDNA、化学合成DNAなども含まれる。また、本発明の蛋白質をコードしうる限り、遺伝暗号の縮重に基づく任意の塩基配列を有するポリヌクレオチドが含まれる。本発明の蛋白質をコードするポリヌクレオチドは、上記のように、表1に示した配列番号に記載のポリヌクレオチド配列もしくはその一部をプローブとしたハイブリダイゼーション法やこれらポリヌクレオチド配列の情報に基づき設計したプライマーを用いたPCR法等の常法により単離することができる。

表1に示す配列番号に記載された塩基配列からなる遺伝子は、リンパ節転移や

腹膜播種を伴う悪性度の高い胃癌細胞において見出された遺伝子を含む。したがって、これらの遺伝子の発現を解析すれば癌細胞の悪性度を知ることができる。癌細胞の悪性度は、治療戦略を考えるうえで重要な情報を与える。

胃癌の腹膜播種は、胃壁内部にある原発巣の組織が増殖・浸潤して胃壁外部に達し、更に漿膜から離脱して腹腔内に遊離する第一の段階と、遊離した細胞が腹膜に着床して増殖する第二の段階とによって成立すると考えられている。本発明の遺伝子は、高腹膜播種細胞株から単離されていることから、この一連の過程を支える重要な遺伝子であると考えられる。したがって、この遺伝子の機能を阻害することによって、腹膜播種の予防や治療が可能となる。また、高腹膜播種細胞株に特異的な本発明の遺伝子や、この遺伝子によってコードされる蛋白質は、胃癌の悪性度を評価する指標として有用である。ここで言う胃癌の悪性度とは、腹膜播種やリンパ節転移を起こす能力を意味する。

更に、本発明の遺伝子は胃癌の他、膵癌などの胃癌以外の消化器癌においても同様に、腹膜播種の予防や治療、あるいは悪性度の予測に用いることができる。腹膜播種やリンパ節転移は様々な消化器癌に共通して見られる悪性化のステップであることから、本発明の遺伝子が他の固形癌においても同様の役割を果たしている可能性が考えられる。

例えば、配列番号：32（アミノ酸配列は配列番号：33）で示される配列を持つ遺伝子「MAMMA1000416」は、胃癌のみならず肝癌においても発現が有意に上昇することが判明した。このことから、本発明の遺伝子が、胃癌以外の固形癌においても発現が上昇している可能性が示唆される。

以上のように、本発明によって提供される塩基配列からなる遺伝子は、胃癌の発生や悪性度に密接に関連していると言える。そのため、この遺伝子の発現や、この遺伝子によってコードされる蛋白質の作用を調節することによって、胃癌の診断や治療を達成できるものと考えられる。すなわち本発明は、本発明の遺伝子発現を調節することができる化合物と、そのスクリーニング方法に関する。

より具体的には、生体内における本発明の遺伝子の発現を阻害すれば、胃癌の進行や転移を効果的に抑制できる。あるいは、本発明の蛋白質の働きを阻害することによっても、胃癌の抑制が達成される。前記遺伝子の発現を阻害するには、アンチセンス核酸医薬や、あるいはその転写調節領域を明らかにした上でデコイ核酸によって発現を阻害することができる。蛋白質の働きそのものを阻害するには、この蛋白質に結合する化合物の投与によって活性部位の立体構造に変化を与えたり、あるいは蛋白質とその標的化合物との結合を妨げることが有効である。

更に、本発明の蛋白質を利用して癌ワクチンを開発することもできる。すなわち本発明の遺伝子によってコードされる蛋白質やその断片に対する免疫応答を誘導することができれば、胃癌に対する免疫学的な排除機構を強めることができる。このような免疫応答は、生体内に本発明による蛋白質やその断片を生体内に投与することによって引き起こされる。生体内への蛋白質の投与は、蛋白質の投与や、それをコードする遺伝子の導入と発現によって達成できる。必要な遺伝子は、アデノウイルスベクターや、レトロウイルスベクターを用い、公知の方法に基づいて導入することができる。

本発明のポリヌクレオチドがコードする蛋白質は、組み換え蛋白質として、また天然の蛋白質として調製することが可能である。組み換え蛋白質は、例えば、後述するように本発明の蛋白質をコードするDNAを挿入したベクターを適当な宿主細胞に導入し、形質転換体内で発現した蛋白質を精製することにより調製することが可能である。また、インビトロトランスレーション（例えば、「On the fidelity of mRNA translation in the nuclease-treated rabbit reticulocyte lysate system. Dasso, M. C., Jackson, R. J. (1989) Nucleic Acids Res. 17:3129-3144」参照）などにより本発明の蛋白質を調製することも可能である。一方、天然の蛋白質は、例えば、後述する本発明の蛋白質に対する抗体を結合したアフィニティーカラムを利用して調製することができる（Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wiley & Sons

Section 16.1-16.19)。アフィニティー精製に用いる抗体は、ポリクローナル抗体であってもモノクローナル抗体であってもよい。

また、本発明には、表1に示した配列番号に記載されたアミノ酸配列からなる蛋白質のみならず、これらの蛋白質と機能的に同等な蛋白質をコードするポリヌクレオチドが含まれる。ここで「機能的に同等」とは、対象となる蛋白質が、胃癌の癌化または悪性化をもたらしていることを指し、このような場合、その蛋白質は本発明の蛋白質と機能的に同等であると言えることができる。

本発明において、ある遺伝子が癌化をもたらすことは、その遺伝子の形質転換による宿主細胞の癌化を観察することにより確認することができる。あるいは悪性化をもたらすことは、転移能を持たない癌細胞株にその遺伝子を形質転換転したときに、細胞が転移能を獲得することを指標として確認することができる。たとえば胃癌細胞株OCUM-2Mのように、転移能の低い、あるいは無い細胞株を、遺伝子の形質転換による悪性化の観察に利用することができる。

これら本実施例において同定された蛋白質と機能的に同等な蛋白質は、当業者であれば、例えば、蛋白質中のアミノ酸配列に変異を導入する方法（例えば、部位特異的変異誘発法(Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wily & Sons Section 8.1-8.5))を利用して調製することができる。また、このような蛋白質は、自然界におけるアミノ酸の変異により生じることもある。本発明には、このように本実施例において同定された蛋白質と同等の機能を有する限り、そのアミノ酸配列（表1の配列番号に記載）において1もしくは数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入および/もしくは付加などにより異なる蛋白質も含まれる。

蛋白質におけるアミノ酸の変異数や変異部位は、その機能が保持される限り制限はない。変異数は、典型的には、全アミノ酸の10%以内であり、好ましくは全アミノ酸の5%以内であり、さらに好ましくは全アミノ酸の1%以内である。置換されるアミノ酸は、蛋白質の機能の保持の観点から、置換前のアミノ酸と似た性

質を有するアミノ酸であることが好ましい。例えば、Ala、Val、Leu、Ile、Pro、Met、Phe、Trpは、共に非極性アミノ酸に分類されるため、互いに似た性質を有すると考えられる。また、非荷電性としては、Gly、Ser、Thr、Cys、Tyr、Asn、Glnが挙げられる。また、酸性アミノ酸としては、AspおよびGluが挙げられる。また、塩基性アミノ酸としては、Lys、Arg、Hisが挙げられる。

また、本実施例において同定された蛋白質と機能的に同等な蛋白質は、当業者に周知のハイブリダイゼーション技術あるいは遺伝子増幅技術を利用して単離することも可能である。即ち、当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術 (Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. Jhon Wily & Sons Section 6.3-6.4) を用いて本実施例において同定されたポリヌクレオチドの塩基配列 (表1) またはその一部をもとにこれと相同性の高いポリヌクレオチドを単離して、該ポリヌクレオチドから機能的に同等な蛋白質を得ることは、通常行いうることである。本発明には、本実施例において同定された蛋白質と同等の機能を有する限り、これら蛋白質をコードするポリヌクレオチドとハイブリダイズするポリヌクレオチドによりコードされる蛋白質も含まれる。機能的に同等な蛋白質を単離する生物としては、例えば、ヒト、マウス、ラット、ウサギ、ブタ、ウシ等の脊椎動物が挙げられるが、これらに制限されない。このような遺伝子は、その塩基配列において、高度な相同性を維持している。

機能的に同等な蛋白質をコードするポリヌクレオチドを単離するためのハイブリダイゼーションのストリンジェントな条件は、洗浄のための条件として通常「1xSSC、0.1% SDS、37℃」程度であり、より厳しい条件としては「0.5xSSC、0.1% SDS、42℃」程度であり、さらに厳しい条件としては「0.1xSSC、0.1% SDS、65℃」程度であり、ハイブリダイゼーションの条件が厳しくなるほどプローブ配列と高い相同性を有するポリヌクレオチドの単離を期待しうる。但し、上記SSC、SDSおよび温度の条件の組み合わせは例示であり、当業者であれば、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーを決定する上記若しくは他の要素 (例えば、プロー

ブ濃度、プローブの長さ、ハイブリダイゼーション反応時間など)を適宜組み合わせることにより、上記と同様のストリンジェンシーを実現することが可能である。

このようなハイブリダイゼーション技術を利用して単離される蛋白質は、表1に示した配列番号に記載の本発明の蛋白質と比較して、通常、そのアミノ酸配列において高い同一性を有する。高い同一性とは、少なくとも60%以上、好ましくは70%以上、さらに好ましくは80%以上(例えば、90%以上)の配列の同一性を指す。本発明におけるアミノ酸配列や塩基配列の同一性は、Karlin and AltschulによるアルゴリズムBLAST (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-5877, 1993)によって決定することができる。このアルゴリズムに基づいて、BLASTNやBLASTXと呼ばれるプログラムが開発されている(Altschul et al. J. Mol. Biol. 215: 403-410, 1990)。BLASTに基づいてBLASTNによって塩基配列を解析する場合には、パラメーターはたとえばscore = 100, wordlength = 12とする。また、BLASTに基づいてBLASTXによってアミノ酸配列を解析する場合には、パラメーターはたとえば score = 50, wordlength = 3とする。BLASTとGapped BLASTプログラムを用いる場合には、各プログラムのデフォルトパラメーターを用いる。これらの解析方法の具体的な手法は公知である(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)。

また、遺伝子増幅技術(PCR) (Current protocols in Molecular Biology, edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons Section 6.1-6.4)を用いて、本実施例において同定された塩基配列(表1)の一部をもとにプライマーを設計し、これら塩基配列またはその一部と相同性の高い塩基配列を含むポリヌクレオチド断片を単離して、これをもとに本実施例において同定された遺伝子によってコードされる蛋白質と機能的に同等な蛋白質を得ることも可能である。

また、機能的に同等な蛋白質をコードするポリヌクレオチドは、上記のようなハイブリダイゼーションやPCRを行う以外に、計算機上のホモロジー検索で単離することも可能である。本発明のタンパク質をコードするポリヌクレオチドとして

は、表1に示した塩基配列を含む遺伝子に対して種間で保存されている相同遺伝子、あるいはこれらと相同ではないが類似遺伝子であって、表1に示した配列番号に記載の本発明の蛋白質に対して高い相同性を有するものであってもよい。

本発明は、また、本発明の蛋白質の部分ペプチドを提供する。部分ペプチドは、本発明の蛋白質に対する抗体を得るための免疫原として有用である。特に、他の蛋白質との相同性が低い、本発明の蛋白質に固有のアミノ酸配列を含む部分ペプチドは、本発明の蛋白質に対して特異性の高い抗体を与える免疫原として期待される。

本発明の部分ペプチドは、少なくとも7アミノ酸、好ましくは9アミノ酸以上、より好ましくは12アミノ酸以上、より好ましくは15アミノ酸以上のアミノ酸配列からなる。本発明の部分ペプチドは、例えば、遺伝子工学的手法、公知のペプチド合成法、あるいは本発明の蛋白質を適当なペプチダーゼで切断することによって製造する。

また本発明は、前記ポリヌクレオチドのいずれかを含有する発現ベクターを提供するものである。本発明のベクターとしては、挿入したポリヌクレオチドを安定に保持するものであれば特に制限されず、例えば 宿主に大腸菌を用いるのであれば、クローニング用ベクターとしてはpBluescriptベクター(Stratagene社製)などが好ましい。本発明のタンパク質を生産する目的においてベクターを用いる場合には、特に発現ベクターが有用である。発現ベクターとしては、試験管内、大腸菌内、培養細胞内、生物個体内でタンパク質を発現するベクターであれば特に制限されないが、例えば、試験管内発現であればpBESTベクター(プロメガ社製)、大腸菌であればpETベクター(Novagen社製)、培養細胞であればpME18S-FL3ベクター(GenBank Accession No. AB009864)、生物個体であればpME18Sベクター(Mol Cell Biol. 8:466~472(1988))などが好ましい。ベクターへの本発明のポリヌクレオチドの挿入は常法により制限酵素サイトを用いたリガーゼ反応により行うことができる(Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al.

(1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.4~11.11)。

さらに、本発明は、前記ポリヌクレオチド、あるいは前記いずれかの発現ベクターを保持する形質転換体、並びにその形質転換体を培養し、その培養物から本発明の蛋白質を単離することからなる、本発明の蛋白質の製造方法に関するものである。本発明のベクターが導入される宿主細胞としては特に制限はなく、目的に応じて種々の宿主細胞が用いられる。タンパク質を高発現させるための真核細胞としては、例えば、COS細胞、CHO細胞などを例示することができる。

宿主細胞へのベクター導入は、例えば、リン酸カルシウム沈殿法、電気パルス穿孔法 (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 9.1-9.9)、リポフェクタミン法 (GIBCO-BRL 社製)、マイクロインジェクション法などの方法で行うことが可能である。本発明は、上記の方法で製造された蛋白質、あるいはその部分ペプチドを提供するものである。

本発明の実施に必要な、DNAのクローニング、各プラスミドの構築、宿主のトランスフェクション、形質転換体の培養および培養物からの蛋白質の回収等の操作は、当業者既知の方法、あるいは文献記載の方法 [Molecular Cloning, T. Maniatis et.al, CSH Laboratory (1983) DNA Cloning, DM. Glover, IRL PRESS (1985) 他] に準じて行なうことができる。

また、本発明の宿主細胞には、本発明の遺伝子の機能解析や、この遺伝子を利用したその機能阻害剤のスクリーニングのために用いる目的の細胞も含まれる。宿主細胞へのベクター導入は、例えば、リン酸カルシウム沈殿法、電気パルス穿孔法 (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 9.1-9.9)、リポフェクタミン法 (GIBCO-BRL 社製)、マイクロインジェクション法などの方法で行うことが可能である。形質転換体からの本発明の蛋白質の調製は、当業者に公知の蛋白質の分離・精製法を利用して行なうことができる。

本発明はまた、表1に示した配列番号に記載の塩基配列からなるポリヌクレオチドまたはその相補鎖に相補的な少なくとも15ヌクレオチドを含むポリヌクレオチドを提供する。ここで「相補鎖」とは、A:T、G:Cの塩基対からなる2本鎖ポリヌクレオチドの一方の鎖に対する他方の鎖を指す。また、「相補的」とは、少なくとも15個の連続したヌクレオチド領域で完全に相補配列である場合に限られず、少なくとも70%、好ましくは少なくとも80%、より好ましくは90%、さらに好ましくは95%以上の塩基配列上の相同性を有すればよい。相同性を決定するためのアルゴリズムは本明細書に記載したものを使用すればよい。

このようなポリヌクレオチドは、本発明の蛋白質をコードするDNAやRNAを検出、単離するためのプローブとして、また、本発明のポリヌクレオチドを増幅するためのプライマーとして利用することが可能である。プライマーとして用いる場合には、通常、15bp~100bp、好ましくは15bp~35bpの鎖長を有するオリゴヌクレオチドが用いられる。また、プローブとして用いる場合には、本発明のポリヌクレオチドの少なくとも一部若しくは全部の配列を有し、少なくとも15bpの鎖長のポリヌクレオチドが用いられる。プライマーとして用いる場合、3'側の領域は相補的である必要があるが、5'側には制限酵素認識配列やタグなどを付加することができる。

本発明のポリヌクレオチドは、本発明の遺伝子の発現を検出、あるいは定量するために利用することができる。例えば、本発明のポリヌクレオチドをプローブやプライマーとして用いたノーザンハイブリダイゼーションやRT-PCRにより、発現レベルを検査したり、本発明のポリヌクレオチドをプライマーとして用いたポリメラーゼ連鎖反応(PCR)によりゲノムDNA-PCRやRT-PCRにより本発明のDNAやその発現制御領域を増幅し、RFLP解析、SSCP、シーケンシング等の方法により、配列の異常を検査・診断することもできる。

また、「表1に示した配列番号に記載の塩基配列からなるポリヌクレオチドまたはその相補鎖に相補的な少なくとも15ヌクレオチドを含むDNA」には、本発明の

遺伝子の発現を抑制するためのアンチセンスDNAが含まれる。アンチセンスDNAは、アンチセンス効果を引き起こすために、少なくとも15bp以上、好ましくは100bp、さらに好ましくは500bp以上の鎖長を有し、通常、3000bp以内、好ましくは2000bp以内の鎖長を有する。

このようなアンチセンスDNAには、胃癌の進行や転移の遺伝子治療に応用することができる。該アンチセンスDNAは、表1に示した配列番号に記載のDNAの配列情報を基にホスホロチオエート法 (Stein, 1988 Physicochemical properties of phosphorothioate oligodeoxynucleotides. Nucleic Acids Res 16, 3209-21 (1988)) などにより調製することが可能である。

本発明のポリヌクレオチドまたはアンチセンスDNAは、遺伝子治療に用いる場合には、例えば、レトロウイルスベクター、アデノウイルスベクター、アデノ随伴ウイルスベクターなどのウイルスベクターやリポソームなどの非ウイルスベクターなどを利用して、ex vivo法やin vivo法などにより患者へ投与を行う。

本発明は、また、本発明の蛋白質に結合する抗体を提供する。本発明の抗体の形態には特に制限はなく、ポリクローナル抗体やモノクローナル抗体または抗原結合性を有するそれらの一部も含まれる。また、全てのクラスの抗体が含まれる。さらに、本発明の抗体には、ヒト化抗体などの特殊抗体も含まれる。

本発明の抗体は、ポリクローナル抗体の場合には、常法に従いアミノ酸配列に相当するオリゴペプチドを合成して家兎に免疫することにより得ることが可能であり、(Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.12~11.13)、一方、モノクローナル抗体の場合には、常法に従い大腸菌で発現し精製した蛋白質を用いてマウスを免疫し、脾臓細胞と骨髓腫細胞を細胞融合させたハイブリドーマ細胞の中から得ることができる (Current protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wiley & Sons. Section 11.4~11.11)。

本発明の蛋白質に結合する抗体は、本発明の蛋白質の精製に加え、例えば、こ

れら蛋白質の発現異常や構造異常の検査・診断に利用することも考えられる。具体的には、例えば組織、血液、または細胞などから蛋白質を抽出し、ウェスタンブロッティング、免疫沈降、ELISA等の方法による本発明の蛋白質の検出を通して、癌の同定、あるいはその悪性度を検査・診断することができる。

たとえば、組織における本発明のポリヌクレオチドや、蛋白質、あるいはそれらの断片の存在は、その組織が胃癌に由来するものであることを示している。あるいは、血液における本発明のポリヌクレオチドや、蛋白質、あるいはそれらの断片の存在は、胃癌の指標とすることができる。本発明のポリヌクレオチドは、いずれも胃癌細胞で発現の増加が確認された遺伝子の塩基配列からなっている。したがって、本発明のポリヌクレオチドや蛋白質、あるいはそれらの断片を測定し、健常者の測定値と比較して増加している場合に、胃癌の存在が疑われる。胃癌の検出を可能とする本発明のポリヌクレオチドとしては、たとえばmRNAを挙げることができる。血液や細胞中のmRNAをRT-PCRなどの手法によって検出することにより、胃癌の指標とすることができる。あるいは本発明の蛋白質やその断片を、公知の免疫学的な手法によって検出することによって、胃癌の指標とすることができる。

本発明の蛋白質に結合する抗体は、胃癌の治療などの目的に利用することも考えられる。本発明の遺伝子によってコードされる蛋白質は、胃癌や、悪性度の高い胃癌において高度に発現している。したがって、この蛋白質を認識する抗体は、胃癌の免疫学的な治療に有用である。あるいは、この蛋白質を標的とする抗体に抗癌剤を結合させることにより、胃癌のミサイル療法を実現できる。抗体を患者の治療目的で用いる場合には、ヒト抗体またはヒト化抗体が免疫原性の少ない点で好ましい。ヒト抗体は、免疫系をヒトのものと入れ換えたマウス（例えば、

「Functional transplant of megabase human immunoglobulin loci recapitulates human antibody response in mice, Mendez, M.J. et al. (1997) Nat. Genet.

15:146-156」参照）に免疫することにより調製することができる。また、ヒト化

抗体は、モノクローナル抗体の超可変領域を用いた遺伝子組み換えによって調製することができる(Methods in Enzymology 203, 99-121(1991))。

あるいは本発明は、本発明の蛋白質の活性を調節する化合物のスクリーニング方法を提供する。本発明の遺伝子が胃癌の癌化や悪性度に関連することから、当該遺伝子の産物の活性を抑制する化合物は胃癌やその転移を抑制する治療薬として有用である。このスクリーニング方法は、次の工程を含む。

- (a) 胃癌細胞に候補化合物を接触させる工程、
- (b) 表1に示す配列番号に記載の塩基配列からなる遺伝子の胃癌細胞における発現レベルを、対照と比較する工程、
- (c) 遺伝子の発現レベルを低下させる候補化合物を選択する工程、

本発明のスクリーニングに用いる胃癌細胞は、患者から採取された胃癌組織や、胃癌細胞株を用いることができる。あるいは、本発明の遺伝子を人為的に導入した細胞をスクリーニングの材料に用いることもできる。本発明のスクリーニング方法においては表1に示す配列番号に記載の塩基配列からなる遺伝子の発現レベルを指標とする。本発明の遺伝子は、胃癌の癌化や、転移に関連していることから、スクリーニングの目的に応じて、細胞の種類や指標とすべき遺伝子を選択することができる。たとえば、癌化の調節を目的とする場合には、胃癌において高度な発現が観察された遺伝子を指標とすることができる。あるいは、転移を制御することができる化合物のスクリーニングには、悪性度と関連する遺伝子を指標とする。遺伝子の発現レベルは、ノーザンブロット法やRT-PCR法などの公知の方法に基づいて検出し、あるいは定量することができる。

スクリーニングに用いる被検試料としては、例えば、細胞抽出液、遺伝子ライブラリーの発現産物、合成低分子化合物、合成ペプチド、天然化合物などが挙げられるが、これらに制限されない。また、本発明のタンパク質との結合活性を指標とした上記のスクリーニングにより単離された化合物を被検試料として用いることも可能である。

このスクリーニングにより単離される化合物は、本発明の遺伝子の発現阻害剤の候補となる。これら化合物は、本発明の遺伝子が関連する胃癌やその転移の予防薬や治療薬への応用が考えられる。

本発明のスクリーニング方法により単離された化合物を医薬品として用いる場合には、単離された化合物自体を直接患者に投与する以外に、公知の製剤学的方法により製剤化して投与を行うことも可能である。例えば、薬理学上許容される担体もしくは媒体、具体的には、滅菌水や生理食塩水、植物油、乳化剤、懸濁剤などと適宜組み合わせ、製剤化して投与することが考えられる。患者への投与は、例えば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射など当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組み込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。

次に、本発明を実施例によりさらに具体的に説明するが、本発明は下記実施例に限定されるものではない。

発明を実施するための最良の形態

実施例 1. ディファレンシャル解析による発現レベルの比較

以下の細胞について発現レベルを解析し、正常部と癌部、癌部と転移病変の間で相互に比較して、発現レベルが5倍（または3倍）以上変化している遺伝子とハイブリダイズするプローブを選択した。括弧内の数字は試料番号を示す。

胃癌

胃癌組織：2例（#13および#18）

胃癌組織#13と同じ患者に由来するリンパ節転移組織：1例（#14）

胃癌組織#13と同じ患者に由来する正常胃粘膜：1例（#12）

胃癌細胞株OCUM-2M : 1例

腹膜播種能の高い胃癌細胞株OCUM-2MD3 : 1例

ヌードマウス移植胃癌 : 2例 (#5および#6)

正常胃粘膜の手術サンプル : 1例 (#3)

細胞株としては、大阪市立大学第1外科学教室において樹立された胃癌細胞株OCUM-2Mと高頻度に腹膜播種を引き起こす亜株であるOCUM-2MD3 (Br. J Cancer 72:1200-1210, 1995)を用いた。以下のRNAの抽出と標識、そしてアレイとのハイブリダイズは、原則としてAffymetrix社の指示書に従って行った。

臨床検体、または10%牛胎児血清を含むD-MEM培地で培養した細胞株から、オリゴ(dT)セルローススピンカラム法(QuickPrep mRNA Purification kit, Pharmacia)によりPoly(A)⁺RNAを調製した。Poly(A)⁺RNA 1 μ gを用いてT7付加オリゴ(dT)24をプライマーとして逆転写酵素(Superscript RT II, BRL)により1本鎖cDNAを合成し、さらにE. coli DNAリガーゼとE. coli DNAポリメラーゼを用いて2本鎖cDNAを合成した。合成したcDNAを定法に従いフェノール・クロロホルム抽出した。この2本鎖cDNAを鋳型としてT7 RNAポリメラーゼによってcRNAを合成した。合成には、MEGAscript T7 kit (Ambion製)を用いた。このとき、標識ヌクレオチドとしてBiotin-11-CTPおよびBiotin-16-UTPを加え、cRNAを標識した。

合成したcRNAをRNeasy Mini Kit (QUIAGEN製)によって回収し、SPIN-100 Columns (CLONETECH製)で精製した。精製cRNAは、加熱によって断片化後、cDNAオリゴヌクレオチドアレイ(Affymetrix社)とのハイブリダイゼーションに用いた。cRNAの断片化は、cRNA 20 μ gを含むRNaseフリーの精製水32 μ Lに対して、以下の断片化緩衝液を8 μ L加え(cRNA最終濃度0.5 μ g/ μ L)、94℃で35分間処理することによって行った。この加熱処理により、cRNAはおよそ35-200bpの大きさに断片化される。

5×断片化緩衝液

4. 0mL 1M トリス-酢酸緩衝液(pH 8.1)

0.64g 酢酸マグネシウム

0.98g 酢酸カルシウム

DEPC処理したH₂Oで20mLにする。

断片化したcRNAサンプルは、以下の組成からなるハイブリダイゼーションカクテルとし、一端99℃で5分間処理し、次いで45℃のヒートブロック上に5分間置いた。その200μLをアレイに加えて45℃で16時間ハイブリダイズさせた。ハイブリダイズに用いた5枚のアレイ、すなわちHuGeneFL（旧称Hu6800）には約6500種類の、そしてHu35K A、B、C、およびD上には、合わせておよそ35000種類の遺伝子あるいはESTに由来する塩基配列を持ったオリゴヌクレオチドが合成されている。なおハイブリダイゼーション以降の洗浄から蛍光染色にいたる工程には、GeneChip Fluidics Station 400（Affymetrix社製）を用いた。

ハイブリダイゼーションカクテル：

断片化cRNA 15μg

コントロールオリゴヌクレオチドB2(5nM) 3μL

100×コントロールcRNAカクテル 各3μL

サケ精子DNA(10mg/mL) 3μL

アセチル化BSA(50mg/mL) 3μL

2×MESハイブリダイゼーション緩衝液 150μL

total 300μLに調整

ハイブリダイゼーション終了後、アレイからハイブリダイゼーションカクテルを除いて、250μLの洗浄液を加えた。非特異的なシグナルを洗浄除去した後、フィコエリスリンーストレプトアビジン(streptavidin phycoerythrin; SAPE)を結合させた。さらにアビジンに対する抗体、そして再びフィコエリスリンーストレプトアビジンを用いて蛍光を増強した。洗浄液と蛍光染色に用いた反応液の組成は次のとおりである。

洗浄液：

83. 3mL 12×MESストック緩衝液

5. 2mL 5M NaCl

1. 0mL 10% Tween20

910. 5mL H₂O

蛍光染色用反応液:

300 μL 2×染色緩衝液

270 μL H₂O

24 μL 50mg/mLアセチル化BSA

6 μL 1mg/mL フィコエリスリンーストレプトアビジン

蛍光増強用抗ストレプトアビジン抗体 (600 μL中):

300 μL 2×染色緩衝液

24 μL 50mg/mLアセチル化BSA

6. 0 μL 10mg/mL正常ヤギIgG

3. 6 μL 0.5mg/mLビオチン化抗体

266. 4 μL H₂O

蛍光増強用フィコエリスリンーストレプトアビジン (1200 μL中):

600 μL 2×染色緩衝液

48 μL 50mg/mLアセチル化BSA

12 μL 1mg/mL フィコエリスリンーストレプトアビジン

540 μL H₂O

蛍光染色した各アレイの蛍光強度を、共焦点レーザー装置 (HP Genearrayスキャナー) により測定した。5つのアレイ上の遺伝子あるいはESTについて、2つの細胞由来のRNAの間で蛍光強度 (average difference) すなわち遺伝子発現強度を比較し、その比 (fold change) を算出した。そして、少なくとも1つの対照試料に比べ5倍、または2つの対照試料双方に対して3倍以上の増加あるいは減少が確認されたものを選択した (表2)。

表2. 選択された遺伝子の発現プロフィール

[illegible]

AA147884	-6	~5.9	(13)145	~11.2	11	zl50b04.s1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 505327 3.
AA147884	-6	~5.0	(18)116	~7.0	11	zl50b04.s1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 505327 3.
AA235118	[5b][5a][5c]					C-MAMMA1002461
AA235118	459	7.9	(5)2545	6	323	zs36f07.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 687301 3 similar to contains element MSRI repetitive element .
AA242823	[13b][13a][13c]					C-NT2RP2002193
AA242823	-313	~14.1	(13)7	~8.8	-34	zr65e10.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 668298 3.
AA255525	[13b][13c]					C-THYRO1000401
AA255525	66	3.9	(13)214	~7.9	-87	zr85a12.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 682462 3.
AA258267	[5c]					C-NT2RP3004041
AA258267	10	~3.0	(5)66	~3.5	1	zr60h08.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 667839 3.
AA281528	[13b][13a][13c]					C-OVARC1000781
AA281528	-91	~12.5	(13)225	~9.5	-18	zt08g09.s1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:712576 3.
AA292158	[13a][18a][13c]					C-PLACE4000052
AA292158	2	~10.0	(13)319	3.3	97	zt46c03.r1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone. 725380 5.
AA292158	2	~7.8	(18)112			zt46c03.r1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 725380 5'.
AA323430	[18b]					C-NT2RP3002948
AA323430			(18)114	~6.2	-6	EST26202 Cerebellum II Homo sapiens cDNA 5' end similar to similar to ring canal protein.
AA378597	[13a]					C-PLACE1001845,
AA378597	-246	~27.4	(13)559			EST91316 Synovial sarcoma Homo sapiens cDNA 5' end.
AA379742	[5a]					C-NT2RM2001637
AA379742	-53	~8.0	(5)147			EST92623 Skin tumor I Homo sapiens cDNA 5' end.
AA398596	[13b][5b][13a][5a][13c][5c][5]					C-PLACE1006469
AA398596	48	~13.3	(5)380	5.1	75	zt70a05.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 727664 3.
AA398596	48	~7.9	(13)153	~10.0	75	zt70a05.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 727664 3.
AA399226	[5b]					C-HEMBA1002417
AA399226			(5)170	~7.4	-1	zt50c01.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 725760 3.
AA402715	[14][18a]					C-PLACE1000786
AA402715	539	7.3	(18)3949			zu47c06.s1 Soares ovary tumor NbHOT-Homo

							sapiens cDNA clone 741130 3'.
AA402823	[13b]18b			(13)146	~7.2	-125	C-MAMMA1000416 zu55g07.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 741948 3.
AA402823				(18)287	~8.7	-125	zu55g07.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 741948 3'.
AA410311	[18a	-138	25.7	(18)615			C-PLACE1005409 zv23c07.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 754476 3'.
AA410311							
AA410343	[5a	-1797	29.7	(5)63			C-HEMBA1002600 zv16e11.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 753836 3.
AA410343							
AA422049	[18a	25	7.3	(18)200			C-NT2RP3000605 zv28g05.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755000 3' similar to gb:J02621 NONHISTONE CHROMOSOMAL PROTEIN HMG-14 (HUMAN);
AA422049							
AA426218	[13b]5b			(5)257	~8.5	12	C-NT2RM4002390 zw17c11.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 769556 3.
AA426218				(13)157	~5.4	12	zw17c11.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 769556 3.
AA427861	[13b]18b 13a]18a] 3c]18c						C-HEMBA1004055
AA427861		68	10	(13)253	6.5	44	zw50b01.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773449 3.
AA427861		68	5.2	(18)295	6.6	44	zw50b01.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773449 3.
AA429917	[13b			(13)444	21.5	-25	C-PLACE1005603 zw66f03.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 781181 3.
AA429917							
AA430355	[18a]18c	151	7.6	(18)1227	3.4	366	C-HEMBA1002150 zw20e04.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 769854 3.
AA430355							
AA430674	[13a]5a	-45	~19.5	(5)518			C-Y79AA1000258 zw26d12.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 770423 3.
AA430674		-45	~12.2	(13)297			zw26d12.s1 Soares ovary tumor NbHOT Homo sapiens cDNA clone 770423 3.
AA433899	[13b			(13)141	~12.9	-47	C-NT2RM1001105 zw52b06.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773651 3.
AA433899							
AA445994	[5a	4	~6.5	(5)153			C-NT2RM4000027 zw64e04.s1 Soares testis
AA445994							

AA449773	14 5a	86	9.2	(5)786			NHT Homo sapiens cDNA clone 780990 3'
AA449773					77	13.1	798 C-MAMMA1002143 zx07h07.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 785821 3'
AA453435	18a	94	6.4	(18)1292			C-PLACE1006037 zx32h03.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 788213 3'
AA453624	5b 5c	89	3.4	(5)288	6.1	41	C-NT2RP4000973 zx48c02.s1 Soares testis NHT Homo sapiens cDNA clone 795458 3' similar to gb:M11722 DNA NUCLEOTIDYLEXOTRANSFERASE (HUMAN);
AA460708	13b 13c	84	3	(13)231	7	33	C-OVARC1001270 zx69e03.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 796732 3'
AA461093	18b 13a 18a 13c 18c	-68	5.6	(13)47	3.6	-5	C-HEMBA1001482 zx63f06.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 796163 3'
AA461093		-68	8.6	(18)141	6.5	-5	zx63f06.s1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 796163 3'
AA465367	5a	-8	6.4	(5)182			C-NT2RP2005360 aa23d09.s1 NCI CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:814097 3'
AA478794	13b 13c	-9	4.5	(13)91	7.2	1	C-MAMMA1000416 zv20e01.s1 Soares NhHMPu S1 Homo sapiens cDNA clone 754200 3'
AA489000	13a	27	5.3	(13)110			C-PLACE1000133 C-NT2RP2004013 aa54d02.s1 NCI CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:824739 3'
AA489080	5a 5c	86	5.3	(5)455	4.5	100	C-HEMBA1003615 aa54h08.s1 NCI CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:824799 3'
AA598982	18b			(18)246	10.0	-50	C-PLACE3000242 ae34e01.s1 Gessler Wilms tumor Homo sapiens cDNA clone 897720 3' similar to contains element PTR5 repetitive element ;
AA599674	5b 5a 5c	-18	8.7	(5)750	12.7	59	C-NT2RM2000522 C-HEMBA1002475 C-NT2RP2004242 ag10e11.s1 Gessler Wilms tumor Homo sapiens cDNA clone 1069964 3'
AA620295	5a 5c	-16	10.2	(5)340	3.6	88	C-NT2RM2001637 af04h10.s1 Soares testis

C02472	5a								NHT Homo sapiens cDNA clone 1030723 3.
C02472		35	11	(5)454					C-Y79AA1000784 C-NT2RM4001382 HUMGS0012359, Human Gene Signature, 3 - directed cDNA sequence.
H49440	13a								C-NT2RP3003290
H49440		56	11.3	(13)195					yo23d12.r1 Homo sapiens cDNA clone 178775 5 similar to contains Alu repetitive element; contains PTR7 repetitive element ;
H61476	5b 5c								C-HEMBA1004889
H61476		62	4.5	(5)439	11.1	55			yr17e08.s1 Homo sapiens cDNA clone 205574 3.
N22273	13a 5a								C-HEMBA1006676 (HELI) 2869 bp C-NT2RM2001696 (HELI) 2661 bp
N22273		0	5.5	(5)238					
N22273		0	5.7	(13)184					
N30796	5c								C-NT2RM4002593
N30796		66	4.6	(5)573	3.3	142			yw65d03.s1 Homo sapiens cDNA clone 257093 3.
N31610	5c								C-Y79AA1001781
N31610		-211	3.5	(5)73	3.4	-10			yy20g10.s1 Homo sapiens cDNA clone 271842 3.
N39361	5b 5c								C-HEMBA1003805
N39361		156	3.1	(5)109	5.9	-72			yx80d09.r1 Homo sapiens cDNA clone 268049 5.
N40170	5b								C-NT2RP2002606
N40170				(5)130	5.2	-5			C-NT2RP3003876 yy44b06.s1 Homo sapiens cDNA clone 276371 3.
N73762	13b								C-HEMBA1007085
N73762				(13)842	6	150			za61f08.s1 Homo sapiens cDNA clone 297063 3.
N78718	13a								C-NT2RP3000109
N78718		51	5.2	(13)280					zb02f10.s1 Homo sapiens cDNA clone 300907 3.
R05274	18b								C-PLACE1004506
R05274				(18)734	5.7	118			ye91b06.s1 Homo sapiens cDNA clone 125075 3.
R06271	18a 18c								C-PLACE1005409
R06271		79	7.9	(18)881	4.1	180			yf08e02.s1 Homo sapiens cDNA clone 126266 3.
R31785	5b 5a 5c								C-OVARC1001726
R31785		-913	15.1	(5)911	33.3	-555			yh68g11.s1 Homo sapiens cDNA clone 134948 3.
R44761	13a								C-NT2RP2003272
R44761		19	6.3	(13)471					yg30h03.s1 Homo sapiens cDNA clone 34148 3 similar to contains MER28 repetitive element ;
R54743	13b 5b								C-HEMBA1005621
R54743				(5)492	13.5	36			yj75a07.r1 Homo sapiens cDNA clone 154548 5.
R54743				(13)209	5.8	36			yj75a07.r1 Homo sapiens cDNA clone 154548 5.
R56678	13b								C-NT2RP3002399
R56678				(13)85	5.5	15			yi04d08.r1 Homo sapiens cDNA clone 138255 5 similar to contains Alu repetitive element.
T10166	13c								C-NT2RM2000101
T10166		61	4.1	(13)249	4.2	94			C-NT2RP2002208 seq879 Homo sapiens cDNA clone b4HB3MA-COT8-HAP-Ft166 3.
T33018	18a 5a								C-NT2RM4000514
T33018		-263	10.6	(5)407					EST56331 Homo sapiens

T33018		-263	~6.1	(18)221					cDNA 3' end similar to None. EST56331 Homo sapiens cDNA 3' end similar to None.
T47788	5a	-192	~6.6	(5)260					C-NT2RM1000039 yb17a11.s1 Homo sapiens cDNA clone 71420 3.
T64575	5a	254	6.3	(5)1387					C-MAMMA1001388 yc25a03.s1 Homo sapiens cDNA clone 81676 3.
T71373	5b 5a 5c	-545	~20.3	(5)251	~43.6	-775			C-MAMMA1001388 yc61h07.s1 Homo sapiens cDNA clone 85213 3.
T90699	18b 18c	-93	~3.7	(18)234	~6.1	24			C-NT2RP3002273 C-MAMMA1000284 ye16d10.s1 Homo sapiens cDNA clone 117907 3. similar to contains PTR5 repetitive element.
T95057	13b 5b			(5)408	~5.4	25			C-HEMBA1007085 ye39d04.s1 Homo sapiens cDNA clone 120103 3.
T95057				(13)847	16.8	25			ye39d04.s1 Homo sapiens cDNA clone 120103 3.
T97111	5b			(5)229	8.2	-38			C-NT2RM2001345 ye41d04.r1 Homo sapiens cDNA clone 120295 5.
T99474	5c	-9	~3.0	(5)223	3.2	70			C-NT2RP2000289 ye64d12.s1 Homo sapiens cDNA clone 122519 3.
W27237	14						31	12.1	C-MAMMA1002143 24c11 Human retina cDNA randomly primed sublibrary Homo sapiens cDNA.
W68734	5b 5a 5c	-234	~6.6	(5)319	~11.3	-7			C-NT2RM4001155 zd37f08.s1 Soares fetal heart NbHH19W Homo sapiens cDNA clone 342855 3.
W72547	13a	36	6.2	(13)220					C-HEMBA1004669 zd64g12.s1 Soares fetal heart NbHH19W Homo sapiens cDNA clone 345478 3.
W86853	5b 5c	20	~3.8	(5)98	~5.6	-34			C-NT2RP3002818 zh59d05.s1 Soares fetal liver spleen 1NFLS S1 Homo sapiens cDNA clone 416361 3.
Z38501	13b 18b			(13)144	~5.8	29			C-NT2RP3001730 H. sapiens partial cDNA sequence; clone c-0de11.
Z38501				(18)141	~5.7	29			H. sapiens partial cDNA sequence; clone c-0de11.

表中、選出法に「5」と記されているものはSCIDマウスに移植した胃癌組織(#5)を用いた発現解析で同定された遺伝子を示しており、「13」および「18」と記されているものは胃癌臨床検体(#13 および #18)を用いた発現解析で同定された遺伝子を示している。これら3つの癌部に対し、正常部臨床検体 #3 および #12 (#12は#13と同一標本)の2つから発現の上昇を示した。「a」は正常部臨床検体

#3 に対して発現の上昇 (fold change) が5倍以上であることを示し、「b」は正常部臨床検体 #12 に対して発現の上昇 (fold change) が5倍以上であることを示す。「c」は、正常部臨床検体 #3 に対して発現の上昇 (fold change) が3倍以上、かつ正常部臨床検体 #12 に対しても発現の上昇が3倍以上であることを示す。

「14」は、胃癌臨床検体#13のリンパ節転移を用いた発現解析で同定された遺伝子を示しており、#13に対して「fold change」が5倍以上上昇する遺伝子を表す。各試料における発現量 (average difference) (表中の「5or13or18」の欄では、括弧内に検体番号を示す) および fold change (表中、比較した2つの検体を「fold →」または「←fold」で示す) も、表中に示した。

この実験とは別に、肝臓においても同様の実験を試みた。すなわち、B型肝炎ウイルス感染患者 (検体番号#5) 由来の肝臓組織と、同じ患者に由来する非癌 (肝硬変) 組織を用いて、上記と同様のディファレンシャル解析による発現レベルの比較を行ったところ、上記 MAMMA1000416 の発現 (average difference) は、非癌 (肝硬変) 組織においては「55」、肝臓組織においては「569」であった。すなわち、非癌 (肝硬変) 組織との比 (fold change) は ~4.8 となり、MAMMA1000416 の発現は肝臓においても上昇することが判明した。

2. 全長cDNAデータベース

ヒト胎児精巣由来のテラトカルシノーマ細胞でレチノイン酸処理により神経細胞に分化可能なNT-2神経前駆細胞 (Stratagene社より購入) を、添付のマニュアルにしたがって次のように処理したものを用いた。

- (1) NT-2細胞をレチノイン酸で誘導しないで培養 (NT2RM1, NT2RM2, NT2RM4) 、
- (2) NT-2細胞を培養後、レチノイン酸を添加して誘導後、2週間培養 (NT2RP2, NT2RP3, NT2RP4) 。

また、ヒトretinoblastoma培養細胞Y79 (ATCC HTB-18) (Y79AA1) をATCCカタログ (<http://www.atcc.org/>) 記載の培養条件で培養した。培養細胞を集めて、文

献(J. Sambrook, E. F. Fritsch & T. Maniatis, Molecular Cloning Second edition, Cold Spring harbor Laboratory Press 1989) 記載の方法によりmRNAを抽出した。さらに、オリゴdTセルロースでpoly(A)⁺ RNAを精製した。

同様に、ヒト胎盤組織 (PLACE1, PLACE3, PLACE4)、ヒト卵巣癌組織 (OVARC1)、ヒト10週令胎児より頭部を多く含む組織 (HEMBA1)、ヒト10週令胎児より胴体部分を多く含む組織 (HEMBB1)、ヒト乳腺組織 (MAMMA1)、ヒト甲状腺組織 (THYR01) より、文献(J. Sambrook, E. F. Fritsch & T. Maniatis, Molecular Cloning Second edition, Cold Spring harbor Laboratory Press, 1989) 記載の方法によりmRNAを抽出した。さらに、オリゴdTセルロースでpoly(A)⁺ RNAを精製した。

それぞれのpoly(A)⁺ RNAよりオリゴキャプ法 [M. Maruyama and S. Sugano, Gene, 138: 171-174 (1994)]によりcDNAライブラリーを作成した。Oligo-cap linker (agcaucgagu cgccuuguu ggccuacugg/配列番号: 1 5 0) およびOligo dT primer (gcggctgaag acggcctatg tggccttttt tttttttttt tt/配列番号: 1 5 1) を用いて文献 [鈴木・菅野, 蛋白質 核酸 酵素, 41: 197-201 (1996)、Y. Suzuki et al., Gene, 200: 149-156 (1997)]に書いてあるようにBAP (Bacterial Alkaline Phosphatase) 処理、TAP (Tobacco Acid Phosphatase) 処理、RNAライゲーション、第一鎖cDNAの合成とRNAの除去を行った。次いで、5' (agcatcgagt cggccttggt g/配列番号: 1 5 2) と3' (gcggctgaag acggcctatg t/配列番号: 1 5 3) のPCRプライマーを用いPCR (polymerase chain reaction)により2本鎖cDNAに変換し、SfiI切断した。次いで、DraIIIで切断したベクターpUC19FL3 (NT2RM1) またはpME18SFL3 (GenBank AB009864, Expression vector) (NT2RM2, NT2RM4, NT2RP2, NT2RP3, NT2RP4, Y79AA1, PLACE1, PLACE3, PLACE4, OVARC1, HEMBA1, HEMBB1, MAMMA1, THYR01) にcDNAの方向性を決めてクローニングし、cDNAライブラリーを作成した。これらより得たクローンのプラスミドDNAについて、cDNAの5' 端または3' 端の塩基配列をDNAシーケンシング試薬 (Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit, dRhodamine Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction

KitまたはBigDye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit, PE Biosystems社製)を用い、マニュアルに従ってシーケンシング反応後、DNAシーケンサー (ABI PRISM 377, PE Biosystems社製) でDNA塩基配列を解析した。得られたデータをデータベース化した。

NT2RMI以外のオリゴキャップ高全長率cDNAライブラリーは、真核細胞での発現が可能な発現ベクターpME18SFL3を用いて作製した。pME18SFL3にはクローニング部位の上流にSR α プロモーターとSV40 small 1イントロンが組み込まれており、またその下流にはSV40ポリA付加シグナル配列が挿入されている。pME18SFL3のクローン化部位は非対称性のDraIIIサイトとなっており、cDNA断片の末端にはこれと相補的なSfiI部位を付加しているので、クローン化したcDNA断片はSR α プロモーターの下流に一方方向性に挿入される。したがって、全長cDNAを含むクローンは、得られたプラスミドをそのままCOS細胞に導入することにより、一過的に遺伝子を発現させることが可能である。すなわち、非常に容易に、遺伝子産物である蛋白質として、あるいはそれらの生物学的活性として実験的に解析することが可能となっている。

決定された5'側の塩基配列に基づいて、各クローンの全長性を評価した。全長性は、ATGprやESTiMateFLによる解析結果等を利用して評価した。ATGprは、ATGコドンの周辺の配列の特徴から翻訳開始コドンであるかどうかを予測するためにヘリックス研究所のA. A. Salamov, T. Nishikawa, M. B. Swindellsにより開発されたプログラムである。またESTiMateFLは、公共データベース中のESTの5'-末端配列や3'-末端配列との比較による全長cDNAの可能性の高いクローンを選択するヘリックス研究所の西川・太田らにより開発された方法である。

全長性の評価によって全長である可能性が高いクローンを選択した。更にその中から、5'側と3'側の塩基配列について公共データベースを検索し、新規であると判断されるクローンを選抜した。

選抜したクローンについて各々全長cDNAの塩基配列を決定した。塩基配列は主

に、カスタム合成DNAプライマーを用いたダイデオキシターミネーター法によるプライマーウォーキング（カスタム合成DNAプライマーを用い、PE Biosystem社製のDNAシーケンシング試薬でマニュアルに従ってシーケンシング反応後、同社製のシーケンサーでDNA塩基配列を解析）によって決定した。一部のクローンについては同様の方法でLicor社製DNAシーケンサーを用いて塩基配列を決定した。全長塩基配列は上記方法により決定された部分塩基配列を完全にオーバーラップさせ最終的に確定した。次に、決定された全長塩基配列から、推定アミノ酸配列を求めた。こうして明らかにされた全長塩基配列と推定アミノ酸配列をデータベース化し、全長cDNAデータベースとした。

3. DD法で選択した塩基配列との照合

2の全長cDNAデータベースに対して、1で選択した76クロンの配列は、公知の塩基配列に同一のものがなく（すなわち新規）、しかも全長cDNAクローンと判定されたcDNAクローンと同一の塩基配列からなっていることが判明した。塩基配列が一致した全長cDNAクロンの塩基配列と対応するアミノ酸配列の配列番号を表1に示した。

最終的に、正常胃粘膜（#3または#12）に比べ、胃癌組織（#13または#18）において5倍以上発現が増加、あるいは、正常胃粘膜#3および#12双方に対して3倍以上増加する遺伝子として、表2の選出法に「13a」（#13で#3の5倍以上）、「13b」（#13で#12の5倍以上）、「13c」（#13で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上）、「18a」（#18で#3の5倍以上）、「18b」（#18で#12の5倍以上）、または「18c」（#18で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上）と記載された配列で示される遺伝子が選択された。これらの遺伝子は、以下のものが含まれる：HEMBB1001294、NT2RP2001327、NT2RP2000459、Y79AA1000784、NT2RM4001382、HEMBA1002716、NT2RP2002193、THYRO1000401、OVARC1000781、PLACE4000052、NT2RP3002948、PLACE1001845、PLACE1006469、PLACE1000786、MAMMA1000416、PLACE1005409、NT2RP3000605、

NT2RM4002390、HEMBA1004055、PLACE1005603、HEMBA1002150、Y79AA1000258、
NT2RM1001105、PLACE1006037、OVARC1001270、HEMBB1001482、MAMMA1000416、
PLACE1000133、NT2RP2004013、PLACE3000242、NT2RP3003290、HEMBA1006676、
NT2RM2001696、HEMBA1007085、NT2RP3000109、PLACE1004506、PLACE1005409、
NT2RP2003272、HEMBA1005621、NT2RP3002399、NT2RM2000101、NT2RP2002208、
NT2RM4000514、NT2RP3002273、MAMMA1000284、HEMBA1007085、HEMBA1004669、お
よび NT2RP3001730。

また、胃癌組織#13に比べ、リンパ節転移巣の癌組織#14において5倍以上発現
が増加する遺伝子として、表2の選出法に「14」と記載された配列で示される遺
伝子が選択された。これらの遺伝子は以下のものが含まれる：NT2RP2001420、
PLACE1000786、および MAMMA1002143。

あるいは、胃癌細胞株OCUM-2Mに比べ、腹膜播種能の高い胃癌細胞株OCUM-2MD3
で5倍以上発現が上昇する遺伝子として以下のものが選択された：

MAMMA1001388

更に、正常切除胃粘膜細胞（#3または#12）に比べ、ヌード（SCID）マウス移植
胃癌#5で5倍以上発現が上昇、あるいは、正常胃粘膜#3および#12双方に対して3
倍以上上昇する遺伝子として、表2の選出法に「5a」（#5で#3の5倍以上）、「5b」
（#5で#12の5倍以上）、または「5c」（#5で#3の3倍以上かつ#12の3倍以上）と記
載された配列で示される遺伝子が選択された。これらの遺伝子は以下のものが含
まれる：MAMMA1002351、NT2RP2001327、NT2RM1000355、Y79AA1000784、NT2RM4001382、
NT2RM1000055、PLACE1008947、MAMMA1002461、NT2RP3004041、NT2RM2001637、
PLACE1006469、HEMBA1002417、HEMBB1002600、NT2RM4002390、Y79AA1000258、
NT2RM4000027、MAMMA1002143、NT2RP4000973、NT2RP2005360、HEMBA1003615、
NT2RM2000522、HEMBA1002475、NT2RP2004242、NT2RM2001637、Y79AA1000784、
NT2RM4001382、HEMBA1004889、HEMBA1006676、NT2RM2001696、NT2RM4002593、
Y79AA1001781、HEMBA1003805、NT2RP2002606、NT2RP3003876、OVARC1001726、

HEMBA1005621、NT2RM4000514、NT2RM1000039、MAMMA1001388、MAMMA1001388、
HEMBA1007085、NT2RM2001345、NT2RP2000289、NT2RM4001155、および NT2RP3002818。

4. 選択されたクローンの特性

これらのクローンについてATGprによる全長性の評価結果を以下に示す。ATGprは、ATGコドンの周辺の配列の特徴から翻訳開始コドンであるかどうかを予測するためにヘリックス研究所のA. A. Salamov, T. Nishikawa, M. B. Swindellsにより開発されたプログラムである [A. A. Salamov, T. Nishikawa, M. B. Swindells, Bioinformatics, 14: 384-390 (1998); <http://www.hri.co.jp/atgpr/>]。結果は、そのATGが真の開始コドンである期待値（以下ATGprIと記載することもある）で表した。

HEMBA1002150 0.31

HEMBA1002417 0.83

HEMBA1002475 0.88

HEMBA1002716 0.14

HEMBA1003615 0.94

HEMBA1003805 0.94

HEMBA1004055 0.74

HEMBA1004669 0.94

HEMBA1004889 0.94

HEMBA1005621 0.94

HEMBA1006676 0.17

HEMBA1007085 0.73

HEMBA1001294 0.86

HEMBA1001482 0.44

HEMBA1002600 0.91

MAMMA1000284	0.35
MAMMA1000416	0.89
MAMMA1001388	0.94
MAMMA1002143	0.91
MAMMA1002351	0.89
MAMMA1002461	0.49
NT2RM1000039	0.77
NT2RM1000055	0.89
NT2RM1000355	0.94
NT2RM1001105	0.94
NT2RM2000101	0.77
NT2RM2000522	0.91
NT2RM2001345	0.94
NT2RM2001637	0.71
NT2RM2001696	0.94
NT2RM4000027	0.40
NT2RM4000514	0.72
NT2RM4001155	0.94
NT2RM4001382	0.93
NT2RM4002390	0.18 (最大ATGpr2値は 0.24)
NT2RM4002593	0.91
NT2RP2000289	0.06 (最大ATGpr2値は 0.35)
NT2RP2000459	0.12
NT2RP2001327	0.86
NT2RP2001420	0.88
NT2RP2002193	0.48

NT2RP2002208 0.49

NT2RP2002606 0.11

NT2RP2003272 0.94

NT2RP2004013 0.48

NT2RP2004242 0.94

NT2RP2005360 0.12

NT2RP3000109 0.18

NT2RP3000605 0.92

NT2RP3001730 0.77

NT2RP3002273 0.90

NT2RP3002399 0.91

NT2RP3002818 0.91

NT2RP3002948 0.60

NT2RP3003290 0.62

NT2RP3003876 0.42

NT2RP3004041 0.52

NT2RP4000973 0.36

OVARC1000781 0.80

OVARC1001270 0.48

OVARC1001726 0.18

PLACE1000133 0.53

PLACE1000786 0.88

PLACE1001845 0.08

PLACE1004506

PLACE1005409 0.09

PLACE1005603 0.92

PLACE1006037 0.65
PLACE1006469 0.85
PLACE1008947 0.05
PLACE3000242 0.94
PLACE4000052 0.80
THYRO1000401 0.73
Y79AA1000258 0.36
Y79AA1000784 0.93
Y79AA1001781 0.74

次にこれらのクローンの全長塩基配列から推定されたアミノ酸配列に対して、アミノ末端のシグナル配列の有無と膜貫通領域の有無を予測、さらに蛋白質の機能ドメイン(モチーフ)検索を行った。アミノ末端のシグナル配列についてはPSORT [K. Nakai & M. Kanehisa, Genomics, 14: 897-911 (1992)]を、膜貫通領域についてはSOSUI [T. Hirokawa et.al. Bioinformatics, 14: 378-379 (1998)] (三井情報開発株式会社販売)を用いて解析を行った。機能ドメインの検索についてはPfam (<http://www.sanger.ac.uk/Software/Pfam/index.shtml>)を用いた。PSORTやSOSUIにより、アミノ末端のシグナル配列や膜貫通領域が予測されたアミノ酸配列は分泌、膜蛋白質であると予測された。また、Pfamによる機能ドメイン検索において、ある機能ドメインにヒットしたアミノ酸配列はヒットデータをもとに、例えばPROSITE(<http://www.expasy.ch/cgi-bin/prosite-list.pl>)にある機能カテゴリー分類を参照にしてその蛋白質の機能予測することができる。また、PROSITEでの機能ドメインの検索も可能である。

その結果、Y79AA1000258は、PSORTにより推定アミノ酸配列にシグナル配列を検出された。また、HEMBA1002150、HEMBA1004889、HEMBB1002600、MAMMA1000416、MAMMA1001388、MAMMA1002461、NT2RM1000355、NT2RP2000289、NT2RP2000459、

NT2RP4000973、PLACE4000052、HEMBA1004055、およびY79AA1000258 は、SOSUIにより推定アミノ酸配列に膜貫通領域が検出された。

各クローンの全長塩基配列および推定アミノ酸配列に基づく公知の遺伝子データベースに対する相同性検索結果を以下に示す。各データは、配列名、最も類似性が高かったヒットデータのDefinition、P値、比較配列の長さ、相同性、ヒットデータのAccession No. の順に//で区切って記載した。ここでP値とは、配列間の類似性を統計的に起こりうる確率を考慮してスコアで示したもので、一般に値が小さいと類似性が高い(Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. & Lipman, D.J. (1990) "Basic local alignment search tool." J. Mol. Biol. 215:403-410; Gish, W. & States, D.J. (1993) "Identification of protein coding regions by database similarity search." Nature Genet. 3:266-272)。

HEMBA1002417//Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28784, complete sequence. //1.4E-299//294bp//100%/AC005954

HEMBA1002417//TIGHT JUNCTION PROTEIN ZO-1 (TIGHT JUNCTION PROTEIN 1). //1.00E-121//489aa//52%/P39447

HEMBA1002475//SKIN SECRETORY PROTEIN XP2 PRECURSOR (APEG PROTEIN). //1.10E-12//285aa//31%/P17437

HEMBA1003615//Homo sapiens ART-4 mRNA, complete cds. //0//1713bp//99%/AB026125

HEMBA1003805//Mus musculus KH domain RNA binding protein QKI-5A mRNA, complete cds. //0//988bp//95%/AF090402

HEMBA1004669//SON PROTEIN (SON3). //7.30E-17//288aa//36%/P18583

HEMBA1004889//Human C3f mRNA, complete cds. //6.70E-24//341aabbp//26%/U72515

HEMBA1005621//Homo sapiens Mad2B protein (MAD2B) mRNA, complete

cds."//2.9E-224//1031bp//99%//AF139365

HEMBA1005621//Homo sapiens Mad2-like protein mRNA, complete cds.//8.00E-211//962bp//99%//AF072933

HEMBB1001294//GTP-BINDING PROTEIN TC10.//1.20E-79//196aa//80%//P17081

HEMBB1001482//ZINC FINGER PROTEIN 91 (ZINC FINGER PROTEIN HTF10) (HPF7).//2.10E-57//941aa//27%//Q05481

HEMBB1002600//Homo sapiens tetraspan NET-5 mRNA, complete cds.//0//1417bp//99%//AF089749

MAMMA1000284//P.walti mRNA for rnp associated protein 55.//2.20E-109//864bp//76%//X99836

MAMMA1000416//HYPOTHETICAL 32.0 KD PROTEIN C09F5.2 IN CHROMOSOME III.//2.00E-30//119aa//53%//Q09232

MAMMA1001388//LEUCINE-RICH ALPHA-2-GLYCOPROTEIN (LRG).//1.40E-165//312aa//99%//P02750

MAMMA1002143//Homo sapiens Cdc42 effector protein 4 mRNA, complete cds.//1.70E-252//1170bp//99%//AF099664

MAMMA1002351//FERRIPYOCHELIN BINDING PROTEIN.//0.000078//127aa//26%//P40882

MAMMA1002351//Mus musculus dynactin subunit p25 (p25) mRNA, complete cds.//4.30E-119//773bp//86%//AF190795

NT2RM1000039//HYPOTHETICAL 41.4 KD PROTEIN IN SRLQ-HYPF INTERGENIC REGION (EC 1.18.1.-) (ORF4) (ORF2).//2.90E-14//299aa//25%//P37596

NT2RM1000055//Homo sapiens mRNA for KIAA0829 protein, partial cds."//0//3111bp//99%//AB020636

NT2RM1000055//Rattus norvegicus mRNA for TIP120, complete cds.//0//3106bp//89%//D87671

NT2RM1000355//Homo sapiens transmembrane protein BRI (BRI) mRNA, complete
cds.//0//1599bp//99%//AF152462

NT2RM2000522//SKIN SECRETORY PROTEIN XP2 PRECURSOR (APEG
PROTEIN).//1.30E-12//282aa//32%//P17437

NT2RM2001345//VEGETATIBLE INCOMPATIBILITY PROTEIN HET-E-1.//2.90E-
08//334aa//22%//Q00808

NT2RM4001155//ADRENAL MEDULLA 50 KD PROTEIN.//4.10E-
197//445aa//78%//Q27969

NT2RM4001382//Homo sapiens RanBP7/importin 7 mRNA, complete cds.//2.20E-
237//1079bp//99%//AF098799

NT2RP2001327//TUMOR NECROSIS FACTOR, ALPHA-INDUCED PROTEIN 1, ENDOTHELIAL
(B12 PROTEIN).//5.50E-116//311aa//71%//Q13829

NT2RP2001420//Mus musculus nuclear protein NIP45 mRNA, complete
cds.//9.00E-112//742bp//82%//U76759

NT2RP2002193//Homo sapiens PIAS3 mRNA for protein inhibitor of activated
STAT3, complete cds.//0//2809bp//99%//AB021868

NT2RP2002606//Rattus norvegicus Rabin3 mRNA, complete cds.//9.20E-
147//874bp//87%//U19181

NT2RP2003272//Homo sapiens ubiquilin mRNA, complete
cds.//0//1789bp//99%//AF176069

NT2RP2004013//TRANSCRIPTION FACTOR BTF3 (RNA POLYMERASE B TRANSCRIPTION
FACTOR 3).//2.30E-53//141aa//78%//P20290

NT2RP2004242//NEUROFILAMENT TRIPLET H PROTEIN (200 KD NEUROFILAMENT
PROTEIN) (NF-H).//9.90E-12//427aa//26%//P19246

NT2RP2005360//Homo sapiens sentrin/SUMO-specific protease (SENPI) mRNA,
complete cds.//1.30E-52//753bp//67%//AF149770

NT2RP3000109//P54 PROTEIN PRECURSOR.//0.0000065//358aa//22%/P13692

NT2RP3000605//Mus musculus mRNA for wizL, complete
cds.//0//2232bp//82%/AB012265

NT2RP3001730//SEPTIN 2 HOMOLOG (FRAGMENT).//7.10E-132//294aa//84%/Q14141

NT2RP3002273//SCD6 PROTEIN.//1.30E-09//295aa//28%/P45978

NT2RP3002399//DNA REPLICATION LICENSING FACTOR MCM4 (CDC21 HOMOLOG) (P1-
CDC21).//8.60E-79//416aa//34%/P33991

NT2RP3002818//INSERTION ELEMENT IS2A HYPOTHETICAL 48.2 KD
PROTEIN.//5.70E-226//303aa//97%/P51026

NT2RP3002948//RING CANAL PROTEIN (KELCH PROTEIN).//2.00E-
111//551aa//42%/Q04652

NT2RP3003290//Mus musculus mRNA for Ndr1 related protein Ndr3, complete
cds.//1.5e-310//1468bp//82%/AB033922

NT2RP3003876//Rattus norvegicus Rabin3 mRNA, complete cds.//4.50E-
147//874bp//87%/U19181

NT2RP4000973//PROBABLE PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE P5 PRECURSOR (EC
5.3.4.1).//1.40E-26//90aa//42%/P38660

OVARC1001726//APICAL-LIKE PROTEIN (APXL PROTEIN).//4.30E-
16//116aa//43%/Q13796

PLACE1000133//TRANSCRIPTION FACTOR BTF3 (RNA POLYMERASE B TRANSCRIPTION
FACTOR 3).//1.80E-62//158aa//81%/P20290

PLACE1000786//PUTATIVE RHO/RAC GUANINE NUCLEOTIDE EXCHANGE FACTOR (RHO/RAC
GEF) (FACIOGENITAL DYSPLASIA PROTEIN HOMOLOG).//7.10E-
09//59aa//47%/P52734

PLACE1001845//Mus musculus cyclin ania-6a mRNA, complete cds.//3.30E-
31//925bp//62%/AF159159

PLACE1004506//Homo sapiens carboxyl terminal LIM domain protein (CLIM1) mRNA, complete cds.//2.10E-16//402bp//62%/U90878

PLACE1006469//ACETYL-COENZYME A SYNTHETASE (EC 6.2.1.1) (ACETATE--COA LIGASE) (ACYL- ACTIVATING-ENZYME).//1.20E-83//313aa//49%/P27550

PLACE3000242//Homo sapiens mRNA for KIAA1114 protein, complete cds."//0//2786bp//96%/AB029037

PLACE3000242//Human trophinin mRNA, complete cds.//0//2290bp//99%/U04811

PLACE4000052//Homo sapiens ATP cassette binding transporter 1 (ABC1) mRNA, complete cds.//0//4661bp//99%/AF165281

THYR01000401//Human TcD37 homolog (HTcD37) mRNA, partial cds.//1.10E-90//430bp//99%/U67085

Y79AA1000784//Homo sapiens RanBP7/importin 7 mRNA, complete cds."//1.10E-236//1076bp//99%/AF098799

5. 高密度DNAフィルターを用いた、ハイブリダイゼーションによる遺伝子発現解析

ナイロン膜スポット用のDNAは以下のように調製した。すなわち、プラスミドを保持した大腸菌を96穴プレートの各ウェルに培養し (LB培地で37度、16時間)、その培養液の一部を、96穴プレートの10 μ lずつ分注した滅菌水中に懸濁し、100度で10分間処理した後、PCR反応のサンプルとして使用した。PCRはTaKaRa PCR Amplification Kit (宝社製) を用い、プロトコールに従って1反応20 μ lの反応溶液で行った。プラスミドのインサートcDNAを増幅するために、プライマーはシーケンシング用のプライマーME761FW (5' tacggaagtgttacttctgc3' /配列番号: 1 5 4)とME1250RV (5' tgtgggaggttttttctcta3' /配列番号: 1 5 5)のペア、またはM13M4 (5' gttttcccagtcacgac3' /配列番号: 1 5 6)とM13RV (5' caggaaacagctatgac3' /配列番号: 1 5 7)のペアを使用した。PCR反応は、

GeneAmp System9600 (PEバイオシステムズ社製) で、95度5分間処理後、95度10秒、68度1分間で10サイクルし、さらに98度20秒間、60度3分間で20サイクル行い、72度10分間で行った。PCR反応後、2 μ lの反応液を1%アガロースゲル電気泳動して、臭化エチジウムでDNAを染色し、増幅したcDNAを確認した。増幅できなかったものは、そのcDNAインサートをもつプラスミドを、アルカリ抽出法 (J Sambrook, EF Fritsh, T Maniatis, Molecular Cloning, A laboratory manual / 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) で調製した。

DNAアレイの作製は以下のように行った。384穴プレートの各ウェルにDNAを分注した。ナイロン膜 (ベーリンガー社製) へのDNAのスポッティングは、Biomek2000 ラボラトリーオートメーションシステム (ベックマンコールター社製) の384ピンツールを用いて行った。すなわち、DNAの入った384穴プレートをセットした。そのDNA溶液に、ピンツールの384個の独立した針を同時に浸漬し、DNAを針にまぶした。その針を静かにナイロン膜に押し当てることによって、針に付着したDNAをナイロン膜にスポッティングした。スポットしたDNAの変性および、ナイロン膜への固定は定法 (J Sambrook, EF Fritsh, T Maniatis, Molecular Cloning, A laboratory manual / 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) に従って行った。

ハイブリダイゼーションのプロープとしては、ラジオアイソトープでラベリングした1st strand cDNAを使用した。1st strand cDNAの合成はThermoscript^(TM) RT-PCR System (GIBCO社製) を用いて行った。すなわち、ヒトの各組織由来mRNA (Clontech社製) の1.5 μ gと、1 μ l 50 μ M Oligo (dT) 20を用いて、50 μ Ci [α -³²P] dATPを添加して付属のプロトコールに従って1st strand cDNAを合成した。プロープの精製は、ProbeQuant^(TM) G-50 micro column (アマシャムファルマシアバイオテック社製) を用いて付属のプロトコールに従って行った。次に、2 units E. coli RNase Hを添加して、室温で10分間インキュベートし、さらに100 μ gヒト COT-1 DNA (GIBCO社製) を添加して、97度で10分間インキュベート後、氷上に静

置してハイブリダイゼーション用のプローブとした。

ラジオアイソトープラベルしたプローブの、DNAアレイへのハイブリダイゼーションは、定法 (J Sambrook, EF Fritsh, T Maniatis, Molecular Cloning, A laboratory manual / 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) に従って行った。洗浄は、ナイロン膜を洗浄液1 (2X SSC, 1% SDS) 中で、室温 (約26度) で20分間のインキュベーションを3回洗浄した後、洗浄液2 (0.1X SSC, 1% SDS) 中で、65度で20分間の洗浄を3回行った。オートラジオグラムは、BAS2000 (富士写真フイルム社製) のイメージプレートを用いて取得した。すなわち、ハイブリダイゼーションしたナイロン膜をサランラップに包み、イメージプレートの感光面に密着させて、ラジオアイソトープ感光用のカセットに入れて、暗所で4時間静置した。イメージプレートに記録したラジオアイソトープ活性は、BAS2000を用いて解析し、オートラジオグラムの画像ファイルとして電子的に変換して記録した。各DNAスポットのシグナル強度の解析は、Visage High Density Grid Analysis Systems (ジェノミックソリューションズ社製) を用いて行い、シグナル強度を数値データ化した。データはDuplicateで取得し、その再現性は2つのDNAフィルターを1つのプローブでハイブリダイゼーションして、両フィルターで対応するスポットのシグナル強度を比較した。全スポットの95%が、相当するスポットに対して2倍以内のシグナル値であり、相関係数は $r=0.97$ である。データの再現性は十分といえる。

遺伝子発現解析の検出感度は、ナイロン膜にスポットしたDNAに相補的なプローブを作製し、ハイブリダイゼーションにおける、プローブ濃度依存的なスポットのシグナル強度の増加を検討して見積もった。DNAとしては、PLACE1008092

(GenBank Accession No. AF107253と同一)を使用した。前述の方法でPLACE1008092のDNAアレイを作製した。プローブとしては、PLACE1008092のmRNAをin vitro合成し、このRNAを鋳型として、前述のプローブ作製法と同様にして、ラジオアイソトープでラベリングした1st strand cDNAを合成して使用した。PLACE1008092のmRNA

をin vitro合成するために、pBluescript SK(-)のT7プロモーター側に PLACE1008092の5'末端が結合されるように組み替えたプラスミドを造成した。すなわち、pME18SFL3の制限酵素DraIII認識部位に組み込まれたPLACE1008092を、制限酵素XhoIで切断してPLACE1008092を切り出した。次にXhoIで切断してある pBluescript SK(-)と、切り出したPLACE1008092をDNA ligation kit ver.2 (宝社製)を用いてライゲーションした。pBluescript SK(-)に組み替えたPLACE1008092のmRNAのin vitro合成は、AmpliscribeTM T7 high yield transcription kit (Epicentre technologies社製)を用いて行った。ハイブリダイゼーションおよび各DNAスポットのシグナル値の解析は、前述の方法と同様に行った。プローブ濃度が $1 \times 10^7 \mu\text{g/ml}$ 以下では、プローブ濃度に比例したシグナル増加が無いことから、この濃度域でのシグナルの比較は困難と考えられ、シグナル強度が40以下のスポットは一様に低レベルのシグナルとした。 $1 \times 10^7 \sim 0.1 \mu\text{g/ml}$ の範囲でプローブ濃度依存的なシグナル値の増加があり、検出感度としてはサンプルあたり発現量比が1:100,000のmRNAの検出感度である。

ヒト正常組織 (heart, lung, pituitary gland, thymus, brain, kidney, liver, spleen) における、各cDNAの発現量を0~10,000の数値で示した。その結果、少なくとも1つの組織で発現の認められる遺伝子は以下のクローンである。

HEMBA1002150、HEMBA1002417、HEMBA1003615、HEMBA1003805、HEMBA1004669、
HEMBA1006676、HEMBA1007085、HEMBA1001294、MAMMA1000284、MAMMA1000416、
MAMMA1001388、MAMMA1002143、MAMMA1002351、MAMMA1002461、NT2RM1000039、
NT2RM1000355、NT2RM2000101、NT2RM2001345、NT2RM2001696、NT2RM4001155、
NT2RM4001382、NT2RM4002593、NT2RP2000289、NT2RP2000459、NT2RP2001327、
NT2RP2001420、NT2RP2002193、NT2RP2002208、NT2RP2003272、NT2RP2004013、
NT2RP2005360、NT2RP3001730、NT2RP3002273、NT2RP3002399、NT2RP3003290、
NT2RP3003876、OVARC1001726、PLACE1000786、PLACE1004506、PLACE1005409、

PLACE1006469、PLACE1008947、PLACE3000242、PLACE4000052、THYR01000401、Y79AA1000258。

またこれら全ての組織で発現の認められる遺伝子は以下のクローンである。

HEMBA1002150、HEMBA1007085、MAMMA1000416、MAMMA1001388、NT2RM1000039。

またこれらどの組織でも発現の低い遺伝子は以下のクローンである。

HEMBA1002475、HEMBA1002716、HEMBA1004055、HEMBA1004889、HEMBA1005621、

HEMBA1001482、HEMBA1002600、NT2RM1000055、NT2RM1001105、NT2RM2000522、

NT2RM2001637、NT2RM4000027、NT2RM4000514、NT2RM4002390、NT2RP2002606、

NT2RP2004242、NT2RP3000109、NT2RP3000605、NT2RP3002818、NT2RP3002948、

NT2RP3004041、NT2RP4000973、OVARC1000781、OVARC1001270、PLACE1000133、

PLACE1001845、PLACE1005603、PLACE1006037、Y79AA1000784、Y79AA1001781。

これらのデータを統計解析することによって、発現に特徴のある遺伝子を選別した。発現量が各組織間において大きく変動する遺伝子を選別する例を示す。

発現の変動の比較的少ないOVARC1000037 (heterogeneous nuclear ribonucleoprotein (hnRNP)) の発現に比べて、発現量が各組織間で大きく変動する遺伝子は、以下のように決定した。すなわちOVARC1000037の各組織でのシグナル強度の偏差平方和を求め、自由度7で除して分散 S_0^2 を決定した。次に比較する

遺伝子の各組織でのシグナル強度の偏差平方和を求め、自由度7で除してその分散 S_i^2 を決定した。分散比 $F = S_i^2 / S_0^2$ として、F分布の有意水準5%以上の遺伝子を抽出した。その結果、HEMBA1002150、MAMMA1000416、NT2RM1000039、NT2RM1000355が抽出された。このように多数の遺伝子の発現を比較し統計解析することによって、ある遺伝子の発現の特徴を示した。

6. 疾患関連遺伝子の解析

非酵素的蛋白糖化反応は各種糖尿病慢性合併症の原因とされている。したがって糖化蛋白質特異的に発現の上昇または減少する遺伝子は、糖化蛋白質による糖

尿病合併症に関する遺伝子である。血液中に存在する糖化蛋白によって影響を受けるのは、血管壁の細胞である。非酵素的タンパク質糖化反応物には、軽度の糖化タンパク質であるアマドリ化合物 (glycated protein) と、重度の糖化タンパク質である終末糖化物質 (advanced glycosylation endproduct) がある。そこで内皮細胞において、これらタンパク質特異的に発現の変化する遺伝子を探索した。内皮細胞を糖化蛋白質存在下または非存在下で培養してmRNAを抽出し、ラジオアイソトープでラベルした1st strand cDNAプローブを用いて、前記のDNAアレイとハイブリダイゼーションして、各スポットのシグナルをBAS2000で検出して ArrayGauge (富士写真フイルム社製) で解析した。

終末糖化物質ウシ血清アルブミンの調製は、ウシ血清アルブミン (sigma社製) を50mM Glucoseのリン酸バッファー中で37度、8週間インキュベートして褐色化したBSAを、リン酸バッファーに対して透析して行った。

正常ヒト肺動脈内皮細胞 (Cell Applications社製) は、組織培養用のディッシュ (Farcon社製) を用いて、endothelial cell growth medium (Cell Applications社製) 中で、インキュベーター (37度、5% CO₂、加湿) に入れ、培養した。細胞がディッシュにコンフルエントになったところで、ウシ血清アルブミン (sigma社製)、糖化ウシ血清アルブミン (sigma社製) または終末糖化物質ウシ血清アルブミンを250 μ g/ml添加して33時間インキュベートした。細胞からのmRNAの抽出は、FastTrackTM 2.0 kit (Invitrogen社製) を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このmRNAを用いて、前記の方法で同様にして行った。

ウシ血清アルブミン、糖化ウシ血清アルブミンまたは終末糖化物質ウシ血清アルブミンを含有する培地で培養したヒト肺動脈内皮細胞の、各cDNAの発現を測定した結果、内皮細胞で発現の認められる遺伝子は以下のクローンである。

HEMBA1003615、HEMBA1003805、HEMBA1004669、HEMBA1007085、HEMBA1001294、

HEMBA1002600、MAMMA1000284、MAMMA1000416、MAMMA1001388、MAMMA1002461、

NT2RM1000039、NT2RM1000355、NT2RM2000101、NT2RM2001345、NT2RM2001696、
NT2RM4000514、NT2RM4001382、NT2RP2001327、NT2RP2001420、NT2RP2002208、
NT2RP2002606、NT2RP2003272、NT2RP2004013、NT2RP2004242、NT2RP2005360、
NT2RP3001730、NT2RP3002273、NT2RP3002399、NT2RP3003290、NT2RP3003876、
NT2RP3004041、NT2RP4000973、PLACE1000133、PLACE1001845、PLACE1004506、
PLACE3000242、Y79AA1000784。

7. 神経細胞分化関連遺伝子の解析

神経細胞の分化に関する遺伝子は、神経疾患の治療に有用な遺伝子である。神経系の細胞を分化誘導して発現変化する遺伝子は、神経疾患に関すると考えられる。

神経系の培養細胞NT2を分化誘導（レチノイン酸(RA)刺激）して発現変化する遺伝子を探索した。

NT2細胞の取扱いについては、基本的に付属のINSTRUCTION MANUALに従った。未分化NT2細胞とは、OPTI-MEM I (GIBCO BRL社製、カタログNo. 31985)、10% (v/v) fetal bovine serum (GIBCO BRL社製)、1% (v/v) penicillin-streptomycin (GIBCO BRL社製)の培地で継代していたNT2細胞である。レチノイン酸存在下で培養したNT2細胞とは、未分化NT2細胞をD-MEM (GIBCO BRL社製、カタログNo. 11965)、10% (v/v) fetal bovine serum、1% (v/v) penicillin-streptomycin、10 μ M Retinoic acid (GIBCO BRL社製)のレチノイン酸添加培地に移した後、5週間継代後の細胞である。RA存在下で培養してさらに阻害剤を添加して培養したNT2細胞とは、レチノイン酸添加5週間を経たNT2細胞を細胞分裂阻害剤を添加した培地D-MEM (GIBCO BRL社製、カタログNo. 11965)、10% (v/v) fetal bovine serum、1% (v/v) penicillin-streptomycin、10 μ M Retinoic acid、10 μ M FudR (5-Fluoro-2'-deoxyuridine : GIBCO BRL社製)、10 μ M Urd (Uridine : GIBCO BRL社製)、1 μ M araC (Cytosine β -D-Arabinofuranoside : GIBCO BRL社製)に移した後2週間後の細胞である。それぞれ

の細胞はトリブシン処理して回収後、total RNAの抽出を、S.N.A.P.TM total RNA isolation kit (Invitrogen社製) を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このtotal RNA 10 μ gを用いて、前記の方法で同様に行なった。

データは $n=3$ で取得し、分化誘導刺激ありの細胞のシグナルと、なしの細胞のシグナルを比較した。比較には二標本t検定の統計処理を行って、シグナル値の分布に有意に差があるクローンを、 $p < 0.05$ で選択した。本解析は、シグナル値の低いクローンであっても差を統計的に検出できる。したがって40以下のシグナル値のクローンに対しても評価を行った。

それぞれ細胞の各遺伝子についてシグナル値の平均 (M_1, M_2) と標本分散 (s_1^2, s_2^2) を求め、比較する2つの細胞の標本分散から合成標本分散 s^2 を求めた。 $t = (M_1 - M_2) / s / (1/3 + 1/3)^{1/2}$ を求めた。自由度4としてt分布表の有意水準の確率Pである0.05と0.01のt値と比較して、値が大きい場合にそれぞれ $P < 0.05$ 、または $P < 0.01$ で両細胞の遺伝子の発現に差があると判定した。

HEMBA1003805、HEMBA1004669、HEMBA1007085、NT2RM1000039、NT2RM1001105、NT2RM2001637、NT2RP2001420、NT2RP2002193、NT2RP2002208、NT2RP2003272、NT2RP3000109、NT2RP3000605、NT2RP3003290、NT2RP3004041、PLACE1001845、PLACE1005409、PLACE3000242 は、RAにより発現が増加した。NT2RM1000355、NT2RP2002193、NT2RP2003272、NT2RP3004041、PLACE1004506、PLACE1005603、PLACE3000242は、RA/阻害剤で発現が増加した。また、NT2RM4002593 はRA/阻害剤で発現が減少した。また、NT2RP2002193、NT2RP2003272、NT2RP3004041、PLACE3000242 はRAと、RA/阻害剤の両方で発現が増加した。これらのクローンは神経疾患に関するクローンである。

8. リウマチ関連遺伝子の解析

慢性関節リュウマチの成因には、関節腔の内面を覆っている滑膜細胞の増殖や、

関節滑膜組織に浸潤した白血球が産生するサイトカインの作用による炎症反応が関係していると考えられている（リュウマチ情報センター、<http://www.rheuma-net.or.jp/>）。最近の研究によれば、tissue necrosis factor (TNF) - α が関与することがわかっている（Current opinion in immunology 1999, 11:657-662）。TNFが滑膜細胞に作用して発現変化する遺伝子は、リュウマチに関すると考えられる。

初代培養滑膜細胞をTNF- α 存在下で培養して発現変化する遺伝子を探索した。初代培養平滑筋細胞（Cell Applications社製）は、培養皿にコンフルエントに培養して、10 ng/ml human TNF- α （ペーリンガーマンハイム社製）を終濃度にして添加してさらに24時間培養した。

細胞からのtotal RNAの抽出は、S.N.A.P.TM total RNA isolation kit（Invitrogen社製）を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このtotal RNA 10 μ gを用いて、前記の方法で同様にして行った。データは $n = 3$ で取得し、TNF刺激ありの細胞のシグナル値と、なしの細胞のシグナル値を比較した。比較には二標本t検定の統計処理を行って、シグナル値の分布に有意に差があるクローンを、 $p < 0.05$ で選択した。本解析は、シグナル値の低いクローンであっても差を統計的に検出できる。したがって40以下のシグナル値のクローンに対しても評価を行った。

それぞれ細胞の各遺伝子についてシグナル値の平均 (M_1, M_2) と標本分散 (s_1^2, s_2^2) を求め、比較する2つの細胞の標本分散から合成標本分散 s^2 を求めた。 $t = (M_1 - M_2) / s / (1/3 + 1/3)^{1/2}$ を求めた。自由度4としてt分布表の有意水準の確率Pである0.05と0.01のt値と比較して、値が大きい場合にそれぞれ $P < 0.05$ 、または $P < 0.01$ で両細胞の遺伝子の発現に差があると判定した。

その結果、HEMBA1004889、MAMMA1000416、NT2RM1000039、NT2RM2000101、NT2RM4000514、NT2RP2003272、NT2RP3002399、Y79AA1000784 は、TNF- α で発現が増加した。また、HEMBA1002150、NT2RP3003290、OVARC1001270は、TNF- α

で発現が減少した。これらのクローンはリュウマチに関するクローンである。

9. 紫外線傷害関連遺伝子の解析

紫外線は健康に少なからず影響を及ぼすことが知られている。近年はオゾン層破壊に伴って紫外線傷害にさらされる機会が多くなっており、皮膚癌などの危険因子として認識されてきている (United States Environmental Protection Agency: Ozone Depletion Home Page, <http://www.epa.gov/ozone/>)。紫外線が皮膚表皮細胞に作用して発現変化する遺伝子は、皮膚の紫外線傷害に関すると考えられる。

紫外線照射した初代培養皮膚由来線維芽細胞を培養して、発現変化する遺伝子を探索した。初代培養皮膚由来線維芽細胞 (Cell Applications社製) は、培養皿にコンフルエントに培養して、254 nmの紫外線を10,000 $\mu\text{J}/\text{cm}^2$ 照射した。

細胞からのmRNAの抽出は、未照射の細胞、照射後4時間または24時間培養した細胞を対象に、FastTrack™ 2.0 mRNA isolation kit (Invitrogen社製) を用いて行った。ハイブリダイゼーション用のプローブのラベリングは、このmRNA 1.5 μg を用いて、前記の方法と同様にして行った。データは $n = 3$ で取得し、紫外線刺激ありの細胞のシグナル値と、なしの細胞のシグナル値を比較した。比較には二標本t検定の統計処理を行って、シグナル値の分布に有意に差があるクローンを、 $p < 0.05$ で選択した。本解析は、シグナル値の低いクローンであっても差を統計的に検出できる。したがって40以下のシグナル値のクローンに対しても評価を行った。

それぞれ細胞の各遺伝子についてシグナル値の平均 (M_1, M_2) と標本分散 (s_1^2, s_2^2) を求め、比較する2つの細胞の標本分散から合成標本分散 s^2 を求めた。 $t = (M_1 - M_2) / s / (1/3 + 1/3)^{1/2}$ を求めた。自由度4としてt分布表の有意水準の確率Pである0.05と0.01のt値と比較して、値が大きい場合にそれぞれ $P < 0.05$ 、または $P < 0.01$ で両細胞の遺伝子の発現に差があると判定した。未分化の細胞に比べてシグナル

の平均値が、増加 (+) または減少を (-) 記した。

次のクローンは、紫外線照射によって、4時間後または24時間後に発現が減少した。これらクローンは紫外線傷害に関するクローンである。

HEMBA1002475、HEMBA1004055、HEMBA1004669、HEMBA1006676、HEMBA1007085、
HEMBB1002600、MAMMA1000284、MAMMA1000416、NT2RM1000039、NT2RM2000101、
NT2RM2001696、NT2RM4002593、NT2RP2000459、NT2RP2001327、NT2RP2001420、
NT2RP2002193、NT2RP2002208、NT2RP2003272、NT2RP2004013、NT2RP2004242、
NT2RP3000109、NT2RP3000605、NT2RP3001730、NT2RP3002273、NT2RP3003290、
NT2RP4000973、OVARC1000781、OVARC1001270、OVARC1001726、PLACE1000133、
PLACE1001845、PLACE1004506、PLACE1005409、PLACE1005603、PLACE1006037、
PLACE1006469、PLACE1008947、PLACE3000242、PLACE4000052、THYRO1000401、
Y79AA1000784、Y79AA1001781。

産業上の利用の可能性

本発明により、胃癌に関連する遺伝子が提供された。本発明の胃癌関連遺伝子は、胃癌において特異的に発現レベルの変化が見出された遺伝子である。したがって、現在の胃癌の診断および治療が一新される可能性が高い。胃癌のスクリーニングは、現在のところ一定の年齢以上となった健常者を対象として、主に内視鏡やX線検査等の画像診断によって行われている。胃癌に特異性の高い腫瘍マーカーであれば、血清による早期診断が可能になり、単独または従来の方法との組み合わせにより早期胃癌の発見率が向上することが期待される。また、転移マーカーにより、画像診断では検出できない微小転移の存在を予測したり、予後マーカーで治療前に予後を予測したりすることが可能になる。

また、本発明の遺伝子が、胃組織の癌化や悪性度に密接に関連していることから、これらの遺伝子や、それによってコードされる蛋白質は、癌治療の標的分子として有用である。これらの遺伝子や、蛋白質の機能を調節することができる化合物

を見出すことにより、進行癌に有効な抗癌剤を開発することができる。

また本発明により、高腹膜播種細胞株OCUM-2MD3に特異的に発現している遺伝子が提供された。本発明に基づく遺伝子、ならびにそれがコードするタンパク質は、スキルス胃癌の腹膜播種に密接に関連している。したがって、この遺伝子やタンパク質を患者体液や摘出癌組織に検出するとき、その患者の癌は腹膜播種を起こしやすいものであることが予測できる。すなわち本発明は、スキルス胃癌の悪性度の予測に利用することができる。

一方、本発明の遺伝子、あるいはそれがコードするタンパク質は、癌細胞の腹膜播種において、重要な役割を果たしている可能性が高い。したがって、この遺伝子やタンパク質の機能を阻害することによって腹膜播種を予防、あるいは抑制することができる可能性がある。すなわち本発明は、スキルス胃癌の腹膜播種の予防や治療に有用な化合物のスクリーニングに用いることができる。本発明のタンパク質が胃癌の腹膜播種において重要な役割を果たしていると考えられることから、創薬ターゲットとして重要である。

請求の範囲

1. 下記 (a) から (d) のいずれかに記載のポリヌクレオチド。

(a) 配列番号: 1、3、5、7、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、130、132、134、136、138、140、142、144、146、および148に記載された塩基配列のいずれかを含むポリヌクレオチド、

(b) 配列番号: 2、4、6、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、131、133、135、137、139、141、143、145、147、および149に記載のアミノ酸配列のいずれかからなるタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(c) 配列番号: 2、4、6、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、

131、133、135、137、139、141、143、145、147、および149に記載のいずれかのアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸が置換、欠失、挿入、および／または付加したアミノ酸配列からなり、前記アミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

(d) 配列番号：1、3、5、7、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、130、132、134、136、138、140、142、144、146、および148に記載されたいずれかの塩基配列からなるポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドによってコードされ、前記塩基配列によってコードされるアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等なタンパク質をコードするポリヌクレオチド、

2. 請求項1に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質の部分ペプチドをコードするポリヌクレオチド。
3. 請求項1、または請求項2に記載のポリヌクレオチドによってコードされる蛋白質、または部分ペプチド。
4. 請求項1、または請求項2に記載のポリヌクレオチドを含むベクター。
5. 請求項1、もしくは請求項2に記載のポリヌクレオチド、または請求項4に記載のベクターを保持する形質転換体。
6. 請求項5に記載の形質転換体を培養し、発現産物を回収する工程を含む、請求項3に記載の蛋白質または部分ペプチドの製造方法。

7. 請求項 1、または請求項 2 に記載のポリヌクレオチド、またはその相補鎖に相補的な塩基配列からなる少なくとも 15 塩基の長さを有するポリヌクレオチド。
8. 請求項 3 に記載の蛋白質または部分ペプチドに対する抗体。
9. 請求項 3 に記載の蛋白質と、請求項 8 に記載の抗体の免疫学的な反応を観察する工程を含む、免疫学的測定方法。
10. 次の工程を含む、請求項 1 に記載のポリヌクレオチドの発現を制御する化合物をスクリーニングする方法。
 - (a) 胃癌細胞に候補化合物を接触させる工程、
 - (b) 請求項 1 に記載の (a) に記載の塩基配列からなる遺伝子の胃癌細胞における発現レベルを、対照と比較する工程、
 - (c) 遺伝子の発現レベルを変化させる候補化合物を選択する工程、
11. 胃癌の発生および／または転移の制御における請求項 10 に記載の方法によって得ることができる化合物の使用。
12. 次の工程を含む、胃癌の検出方法。
 - (a) 生体試料中の請求項 1 に記載のポリヌクレオチドを測定する工程、
 - (b) (a) の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程
13. 次の工程を含む、胃癌の検出方法。
 - (a) 生体試料中の請求項 3 に記載の蛋白質および／または部分ペプチドを測定する工程、
 - (b) (a) の測定結果を胃癌の存在と関連付ける工程

SEQUENCE LISTING

<110> Helix Research Institute

<120> Genes related to stomach cancer

<130> H1-107PCT5

<140>

<141>

<150> JP 1999-248036

<151> 1999-07-29

<150> JP 1999-300253

<151> 1999-08-27

<150> US 60/159590

<151> 1999-10-18

<150> JP 2000-118776

<151> 2000-01-11

<150> US 60/183322

<151> 2000-02-17

<150> JP 2000-183767

<151> 2000-05-02

<150> H1-107DP4

<151> 2000-06-09

<160> 157

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 1672

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (112)..(1410)

<400> 1

gggccacaag gctacagctg ccactgtcgc ctgggtttcc ggccagcgga ggatgatccg 60
caccgtgtg tggacacaga tgagtgccag attgccggtg tggccagca gatgtgtgc 120

2/175

```

aactacgttg gtggcttoga gtgttattgt agcgagggac atgagctgga ggctgatggc 180
atcagctgoa gccctgcagg ggccatgggt gccaggcct cccaggacct cggagatgag 240
ttgctggatg acggggagga tgaggaagat gaagacgagg cctggaaggo cttcaaoggt 300
ggctggacgg agatgcctgg gatcctgtgg atggagccta cgcagccgoc tgactttgcc 360
ctggcctata gaccgagctt cccagaggac agagagccac agatacccta cccggagccc 420
acctggccac ccccgctcag tgcccccagg gtccctacc actcctcagt gctctcgc 480
acccggcctg tgggtgtotc tgccacgcat cccacaactgc cttctgccc ccagcctcct 540
gtgatccctg ccacacaccc agctttgtcc cgtgaccacc agatcccctg gatcgtagcc 600
aactatccag atctgccttc tgccctacaa cccggtatto tctctgtotc tcattcagca 660
cagcctcctg cccaccagcc cccatgato tcaaccaa atccggagct cttccctgoc 720
caccagtccc ccattgttcc agacaccogg gtccgtggca cccagaccac cactcatttg 780
cctggaatcc caccatacca tgccctctg gtcaccaccc tcggtgccc gctacccct 840
caagcccccag atgcccttgt cctcagaacc caggccaccc agcttcccat tatcccaact 900
gccagccct ctctgaccac cactccagg tccctgtgt ctctgccc toaaatctct 960
gtgctgtctg ccaccagcc cgcagccctc cccaccctcc tgccctctca gagccccact 1020
aaccagacct caccatcag cctacacat cccattcca aagccccca aatcccaagg 1080
gaagatggcc ccagtcccaa gttggccctg tggctgccct caccagctcc cacagcagcc 1140
ccaacagccc tgggggaggc tggctctgoc gagoacagcc agagggatga ccggtggctg 1200
ctggtggcac tctgtgtgcc aacgtgtgtc tttttgtgtg tctgtctgc actgggcac 1260
gtgtactgoa cccgtgtgg ccccatgca cccaacaagc gcactactga ctgtatcgc 1320
tgggtcatoc atgtgtggag caagagccca acagaaccca tgcccccag gggcagcctc 1380
acaggggtgc agacctgcag aaccagcgtg tgatggggtg cagaccccc tcattggagta 1440
tggggcgtg gacacatggc cggggctgca ccagggaccc atgggggtg cccagctgga 1500
cagatggctt cctgtcccc aggccagcc aggtcctct ctcaaccaact agacttggct 1560
ctcaggaact ctgcttctg gccagcgtc cgtgaccaag gatacacc aaagcccttaag 1620
acctcagggg ggggtgtgct ggtcttctc caataaatgg ggtgtcaacc tt 1672

```

<210> 2

<211> 433

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

```

Met Cys Val Asn Tyr Val Gly Gly Phe Glu Cys Tyr Cys Ser Glu Gly
  1             5             10             15
His Glu Leu Glu Ala Asp Gly Ile Ser Cys Ser Pro Ala Gly Ala Met
      20             25             30
Gly Ala Gln Ala Ser Gln Asp Leu Gly Asp Glu Leu Leu Asp Asp Gly
      35             40             45
Glu Asp Glu Glu Asp Glu Asp Glu Ala Trp Lys Ala Phe Asn Gly Gly
      50             55             60
Trp Thr Glu Met Pro Gly Ile Leu Trp Met Glu Pro Thr Gln Pro Pro
      65             70             75             80
Asp Phe Ala Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Glu Asp Arg Glu Pro
      85             90             95
Gln Ile Pro Tyr Pro Glu Pro Thr Trp Pro Pro Pro Leu Ser Ala Pro
      100             105             110

```

3/175

Arg Val Pro Tyr His Ser Ser Val Leu Ser Val Thr Arg Pro Val Val
 115 120 125
 Val Ser Ala Thr His Pro Thr Leu Pro Ser Ala His Gln Pro Pro Val
 130 135 140
 Ile Pro Ala Thr His Pro Ala Leu Ser Arg Asp His Gln Ile Pro Val
 145 150 155 160
 Ile Val Ala Asn Tyr Pro Asp Leu Pro Ser Ala Tyr Gln Pro Gly Ile
 165 170 175
 Leu Ser Val Ser His Ser Ala Gln Pro Pro Ala His Gln Pro Pro Met
 180 185 190
 Ile Ser Thr Lys Tyr Pro Glu Leu Phe Pro Ala His Gln Ser Pro Met
 195 200 205
 Phe Pro Asp Thr Arg Val Ala Gly Thr Gln Thr Thr Thr His Leu Pro
 210 215 220
 Gly Ile Pro Pro Asn His Ala Pro Leu Val Thr Thr Leu Gly Ala Gln
 225 230 235 240
 Leu Pro Pro Gln Ala Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg Thr Gln Ala Thr
 245 250 255
 Gln Leu Pro Ile Ile Pro Thr Ala Gln Pro Ser Leu Thr Thr Thr Ser
 260 265 270
 Arg Ser Pro Val Ser Pro Ala His Gln Ile Ser Val Pro Ala Ala Thr
 275 280 285
 Gln Pro Ala Ala Leu Pro Thr Leu Leu Pro Ser Gln Ser Pro Thr Asn
 290 295 300
 Gln Thr Ser Pro Ile Ser Pro Thr His Pro His Ser Lys Ala Pro Gln
 305 310 315 320
 Ile Pro Arg Glu Asp Gly Pro Ser Pro Lys Leu Ala Leu Trp Leu Pro
 325 330 335
 Ser Pro Ala Pro Thr Ala Ala Pro Thr Ala Leu Gly Glu Ala Gly Leu
 340 345 350
 Ala Glu His Ser Gln Arg Asp Asp Arg Trp Leu Leu Val Ala Leu Leu
 355 360 365
 Val Pro Thr Cys Val Phe Leu Val Val Leu Leu Ala Leu Gly Ile Val
 370 375 380
 Tyr Cys Thr Arg Cys Gly Pro His Ala Pro Asn Lys Arg Ile Thr Asp
 385 390 395 400
 Cys Tyr Arg Trp Val Ile His Ala Gly Ser Lys Ser Pro Thr Glu Pro
 405 410 415
 Met Pro Pro Arg Gly Ser Leu Thr Gly Val Gln Thr Cys Arg Thr Ser
 420 425 430
 Val

<210> 3

<211> 1831

<212> DNA

<213> Homo sapiens

4/175

<220>

<221> CDS

<222> (57).. (1700)

<400> 3

```

cagagttgcc cagggaaagc agctatgaca tctacagagt gccagcagt cagagcatgg 60
aggatcgtgg gtacagcccc gacacgcgtg tggccgctt cctcaagggc aagagcatcg 120
ggctgcggct ggcagggggc aatgacgtgg gcatcttgt gtccgggggt caggcgggca 180
gcccggccga cgggcagggc atccaggagg gagtcagat tctgcagggt aatgacgtgc 240
cattccagaa cctgacacgg gaggaggcag tgcagtctct gctggggctg ccaccaggcg 300
aggagatgga gctggtgacg cagcggaagc aggacatttt ctggaaaatg gtgcagtccc 360
gcgtgggtga ctcttctac atccgcactc actttgagct ggagcccagt ccgccgtctg 420
gcctgggctt caccggtggc gacgtcttcc acgtgctgga cagctgcac cccggccccg 480
ggcagagcca cgcacgagga ggccactggc tggcgggtcg catgggtctg gacctgggg 540
agcaagagcg gggcatcatt cccaaccaga gcagggcgga gcagctggcc agcotggaag 600
ctgcccagag ggcggtggga gtcggggccg gctcctccgc gggctccaat gctcggggcg 660
agttctggcg gctgcggggg ctgctcgag gagcaagaa gaccactcag cggagccgtg 720
aggacctctc agctctgacc cgcaggggcc gctaccgccc ctacgaacga gtggtgttgc 780
gagaagtcag ttcaagcgc cgggtagtga tcctggggacc cgtggccgac attgtatgc 840
agaagttgac tctgagatg cctgaccagt ttgaaatcgc agagactgtg tccaggaccg 900
acagccctc caagatcatc aaactagaca ccgtgcgggt gattgcagaa aaagacaagc 960
atgcgctcct ggtgtgacc ccctccgcca tcgagcgct caactatgt cagtactacc 1020
ccatttgtgt cttcttcac cccgagagcc ggccggccct caaggcactg cggcagtggc 1080
tggcgctgct ctcccgccgc agcaccgctc gcctctacgc acaagcccag aagctgogaa 1140
aacacagcag caacctctc acagccacca tccctctgaa tggcacgagt gacacctgt 1200
accaggagct caaggccatc attcagagc agcagacgcg gcccatctgg acggcggaag 1260
atcagctgga tggctccttg gaggacaacc tagacctccc tcaccacggc ctggccgaca 1320
gctccgctga cctcagctgc gacagccgcg ttaacagoga ctacgagacg gacggcgagg 1380
gcgggcgctg cacggatggc gagggtaca cagacggcga gggggggccc tacacggatg 1440
tggatgatga gccccggct ccagccctgg ccggtcctc ggagcccggt caggcagatg 1500
agtcccagag ccgaggggat cgtgggagaa totcggtca tcagggggcc caggtggaca 1560
gcccgcaccc ccagggacag tggcgacagg acagcatgag aacctatgaa cgggaagccc 1620
tgaagaaaaa gtttacgca gtccatgat cggagtcctc cgatgaagac ggctatgact 1680
ggggtccggc cactgacctg tgacctctc cgggctgcca gctgtccgt cctcctctc 1740
cttccctggg gctgggactc agtttccat acagaaccca caaccttacc tccctcggcc 1800
tggcttttaa taaacagagt attttcacag c 1831

```

<210> 4

<211> 548

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Glu Asp Arg Gly Tyr Ser Pro Asp Thr Arg Val Val Arg Phe Leu

1

5

10

15

Lys Gly Lys Ser Ile Gly Leu Arg Leu Ala Gly Gly Asn Asp Val Gly

20										25					30				
Ile	Phe	Val	Ser	Gly	Val	Gln	Ala	Gly	Ser	Pro	Ala	Asp	Gly	Gln	Gly				
35						40						45							
Ile	Gln	Glu	Gly	Asp	Gln	Ile	Leu	Gln	Val	Asn	Asp	Val	Pro	Phe	Gln				
50						55						60							
Asn	Leu	Thr	Arg	Glu	Glu	Ala	Val	Gln	Phe	Leu	Leu	Gly	Leu	Pro	Pro				
65			70						75			80							
Gly	Glu	Glu	Met	Glu	Leu	Val	Thr	Gln	Arg	Lys	Gln	Asp	Ile	Phe	Trp				
			85						90			95							
Lys	Met	Val	Gln	Ser	Arg	Val	Gly	Asp	Ser	Phe	Tyr	Ile	Arg	Thr	His				
100						105						110							
Phe	Glu	Leu	Glu	Pro	Ser	Pro	Pro	Ser	Gly	Leu	Gly	Phe	Thr	Arg	Gly				
115						120						125							
Asp	Val	Phe	His	Val	Leu	Asp	Thr	Leu	His	Pro	Gly	Pro	Gly	Gln	Ser				
130						135						140							
His	Ala	Arg	Gly	Gly	His	Trp	Leu	Ala	Val	Arg	Met	Gly	Arg	Asp	Leu				
145			150						155			160							
Arg	Glu	Gln	Glu	Arg	Gly	Ile	Ile	Pro	Asn	Gln	Ser	Arg	Ala	Glu	Gln				
			165						170			175							
Leu	Ala	Ser	Leu	Glu	Ala	Ala	Gln	Arg	Ala	Val	Gly	Val	Gly	Pro	Gly				
180						185						190							
Ser	Ser	Ala	Gly	Ser	Asn	Ala	Arg	Ala	Glu	Phe	Trp	Arg	Leu	Arg	Gly				
195						200						205							
Leu	Arg	Arg	Gly	Ala	Lys	Lys	Thr	Thr	Gln	Arg	Ser	Arg	Glu	Asp	Leu				
210			215						220										
Ser	Ala	Leu	Thr	Arg	Gln	Gly	Arg	Tyr	Pro	Pro	Tyr	Glu	Arg	Val	Val				
225			230						235			240							
Leu	Arg	Glu	Ala	Ser	Phe	Lys	Arg	Pro	Val	Val	Ile	Leu	Gly	Pro	Val				
			245						250			255							
Ala	Asp	Ile	Ala	Met	Gln	Lys	Leu	Thr	Ala	Glu	Met	Pro	Asp	Gln	Phe				
260						265						270							
Glu	Ile	Ala	Glu	Thr	Val	Ser	Arg	Thr	Asp	Ser	Pro	Ser	Lys	Ile	Ile				
275						280						285							
Lys	Leu	Asp	Thr	Val	Arg	Val	Ile	Ala	Glu	Lys	Asp	Lys	His	Ala	Leu				
290			295						300										
Leu	Asp	Val	Thr	Pro	Ser	Ala	Ile	Glu	Arg	Leu	Asn	Tyr	Val	Gln	Tyr				
305			310						315			320							
Tyr	Pro	Ile	Val	Val	Phe	Phe	Ile	Pro	Glu	Ser	Arg	Pro	Ala	Leu	Lys				
			325						330			335							
Ala	Leu	Arg	Gln	Trp	Leu	Ala	Pro	Ala	Ser	Arg	Arg	Ser	Thr	Arg	Arg				
340						345						350							
Leu	Tyr	Ala	Gln	Ala	Gln	Lys	Leu	Arg	Lys	His	Ser	Ser	His	Leu	Phe				
355			360						365										
Thr	Ala	Thr	Ile	Pro	Leu	Asn	Gly	Thr	Ser	Asp	Thr	Trp	Tyr	Gln	Glu				
370			375						380										
Leu	Lys	Ala	Ile	Ile	Arg	Glu	Gln	Gln	Thr	Arg	Pro	Ile	Trp	Thr	Ala				
385			390						395			400							
Glu	Asp	Gln	Leu	Asp	Gly	Ser	Leu	Glu	Asp	Asn	Leu	Asp	Leu	Pro	His				

[illegible]

<210> 5
 <211> 1643
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (27).. (1643)

gcaaaaagcg	aggcgacggc	ttaaagatgg	agaacgaccc	ccaggaggcg	gagtctgaaa	60
tggccctgga	tgctgagttc	ctggacgtgt	acaagaactg	caacgggggtg	gtcatgatgt	120
tgcacattac	caagcagtg	accttcaatt	acattctccg	ggagcttcca	aaagtgccca	180
cccacgtgcc	agtgtgcgtg	ctgggaaact	accgggacat	ggcgagcac	cgagtcatcc	240
tgccggacga	cgtgcgtgac	ttcatcgaca	acctggacag	acctccaggt	tcctcctact	300
tccgctatgc	tgagtcttcc	atgaagaaca	gcttcggcct	aaagtacctt	cataagttct	360
tcaatatccc	atttttgcag	cttcagagg	agacgctgtt	goggoagctg	gagacgaacc	420
agctggacat	ggacgccacg	ctggaggagc	tgtcggtgca	gcaggagacg	gaggaccaga	480
actacggcat	cttcctggag	atgatggagg	ctgcgagccg	tggccatcg	tccccactgg	540
cggccaacgg	gcagagccca	tccccgggct	cccagtcacc	agtgggtgcot	gcaggcgtg	600
tgtccacggg	gagctgcagc	cccggcacac	cccagcccgc	cccacagctg	cccctcaatg	660
ccgccccacc	atcctctgtg	ccccctgtac	caccctcaga	ggccctgccc	ccacctgcgt	720
gccccctcagc	ccccgcccc	cggcgcagca	tcattctctag	gctgtttggg	acgtcacctg	780
ccaccgaggc	agccccctcca	cctccagagc	cagtcccggc	cgcacagggc	ccagcaacgg	840
tccagagtgt	ggaggacttt	gttcctgacg	accgcctgga	ccgcagcttc	ctggaagaca	900
caacccccgc	cagggacgag	aagaaggtgg	gggccaaggc	tgcccagcag	gacagcgaca	960
gtgatgggga	ggccctgggc	ggcaacccga	tgggtggcagg	gttcaggag	gatgtggacc	1020

7/175

```

tcgaagacca gccacgtggg agtccccgcg tcctgcagg ccccgcccc agtcaagaca 1080
tcactctttc gaggaggag gaagcagaag tggcagctcc cacaaaaggc cctgccccag 1140
ctccccagca gtgctcagag ccagagacca agtggtcctc cataccagct tcgaagccac 1200
ggagggggac agtccccacg aggaccgcag cccccccctg gccaggcggg gtctctgttc 1260
gcacagggtc ggagaagcgc agcagcacca ggccccctgc tgagatggag ccggggaagg 1320
gtgagcaggc ctctcgtcg gagagtgacc ccgagggacc cattgctgca caaatgctgt 1380
ccttcgtcat ggatgacccc gactttgagg gcgagggatc agacacacag cgcaggggcg 1440
atgactttcc cgtgcgagat gaccctcccg atgtgactga cgaggatgag ggccctgccg 1500
agccgcccc accccccaag ctccctctcc ccgccttcag actgaagaat gactcggacc 1560
tcttcgggtt ggggtggag gaggcgggac ccaaggagag cagtgaggaa ggtaaggagg 1620
gcaaaacccc ctctaaggag aag                                     1643

```

<210> 6

<211> 539

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

```

Met Glu Asn Asp Pro Gln Glu Ala Glu Ser Glu Met Ala Leu Asp Ala
 1          5          10          15
Glu Phe Leu Asp Val Tyr Lys Asn Cys Asn Gly Val Val Met Met Phe
 20          25          30
Asp Ile Thr Lys Gln Trp Thr Phe Asn Tyr Ile Leu Arg Glu Leu Pro
 35          40          45
Lys Val Pro Thr His Val Pro Val Cys Val Leu Gly Asn Tyr Arg Asp
 50          55          60
Met Gly Glu His Arg Val Ile Leu Pro Asp Asp Val Arg Asp Phe Ile
 65          70          75          80
Asp Asn Leu Asp Arg Pro Pro Gly Ser Ser Tyr Phe Arg Tyr Ala Glu
 85          90          95
Ser Ser Met Lys Asn Ser Phe Gly Leu Lys Tyr Leu His Lys Phe Phe
100          105          110
Asn Ile Pro Phe Leu Gln Leu Gln Arg Glu Thr Leu Leu Arg Gln Leu
115          120          125
Glu Thr Asn Gln Leu Asp Met Asp Ala Thr Leu Glu Glu Leu Ser Val
130          135          140
Gln Gln Glu Thr Glu Asp Gln Asn Tyr Gly Ile Phe Leu Glu Met Met
145          150          155          160
Glu Ala Arg Ser Arg Gly His Ala Ser Pro Leu Ala Ala Asn Gly Gln
165          170          175
Ser Pro Ser Pro Gly Ser Gln Ser Pro Val Val Pro Ala Gly Ala Val
180          185          190
Ser Thr Gly Ser Cys Ser Pro Gly Thr Pro Gln Pro Ala Pro Gln Leu
195          200          205
Pro Leu Asn Ala Ala Pro Pro Ser Ser Val Pro Pro Val Pro Pro Ser
210          215          220
Glu Ala Leu Pro Pro Pro Ala Cys Pro Ser Ala Pro Ala Pro Arg Arg

```

8/175

225					230					235				240
Ser	Ile	Ile	Ser	Arg	Leu	Phe	Gly	Thr	Ser	Pro	Ala	Thr	Glu	Ala
				245					250					255
Pro	Pro	Pro	Pro	Glu	Pro	Val	Pro	Ala	Ala	Gln	Gly	Pro	Ala	Thr
			260					265						270
Gln	Ser	Val	Glu	Asp	Phe	Val	Pro	Asp	Asp	Arg	Leu	Asp	Arg	Ser
		275					280					285		Phe
Leu	Glu	Asp	Thr	Thr	Pro	Ala	Arg	Asp	Glu	Lys	Lys	Val	Gly	Ala
	290					295					300			Lys
Ala	Ala	Gln	Gln	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Gly	Glu	Ala	Leu	Gly	Gly
305					310					315				320
Pro	Met	Val	Ala	Gly	Phe	Gln	Asp	Asp	Val	Asp	Leu	Glu	Asp	Gln
				325					330					335
Arg	Gly	Ser	Pro	Pro	Leu	Pro	Ala	Gly	Pro	Val	Pro	Ser	Gln	Asp
			340					345					350	Ile
Thr	Leu	Ser	Ser	Glu	Glu	Glu	Ala	Glu	Val	Ala	Ala	Pro	Thr	Lys
	355						360					365		Gly
Pro	Ala	Pro	Ala	Pro	Gln	Gln	Cys	Ser	Glu	Pro	Glu	Thr	Lys	Trp
	370				375						380			Ser
Ser	Ile	Pro	Ala	Ser	Lys	Pro	Arg	Arg	Gly	Thr	Ala	Pro	Thr	Arg
385					390					395				400
Ala	Ala	Pro	Pro	Trp	Pro	Gly	Gly	Val	Ser	Val	Arg	Thr	Gly	Pro
				405					410					415
Lys	Arg	Ser	Ser	Thr	Arg	Pro	Pro	Ala	Glu	Met	Glu	Pro	Gly	Lys
		420						425				430		Gly
Glu	Gln	Ala	Ser	Ser	Ser	Glu	Ser	Asp	Pro	Glu	Gly	Pro	Ile	Ala
	435					440					445			Ala
Gln	Met	Leu	Ser	Phe	Val	Met	Asp	Asp	Pro	Asp	Phe	Glu	Gly	Glu
	450				455					460				Gly
Ser	Asp	Thr	Gln	Arg	Arg	Ala	Asp	Asp	Phe	Pro	Val	Arg	Asp	Asp
465				470					475					480
Ser	Asp	Val	Thr	Asp	Glu	Asp	Glu	Gly	Pro	Ala	Glu	Pro	Pro	Pro
				485					490				495	
Pro	Lys	Leu	Pro	Leu	Pro	Ala	Phe	Arg	Leu	Lys	Asn	Asp	Ser	Asp
		500						505					510	Leu
Phe	Gly	Leu	Gly	Leu	Glu	Glu	Ala	Gly	Pro	Lys	Glu	Ser	Ser	Glu
	515					520					525			Glu
Gly	Lys	Glu	Gly	Lys	Thr	Pro	Ser	Lys	Glu	Lys				
	530					535								

<210> 7

<211> 1673

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 7

aatcatgtta gattttotga gaggtaaaac acctgccatc tacaaattac aaggotggat 60

9/175

```

aacagctcac tccatttgaa attcagtgga aacccaagag ctaggttctt actgaatttg 120
catotcaatt tgggaaactg aacttagctt tcaaagatca taggaagtct ggttgagaa 180
actagggatt attctggcaa tgggtgcagg aagggtgtca gaataacca gtcgcattg 240
gttttgagaa acggaactat cttatgcaga gcccgagggg caagtctcag acccatgggt 300
tgaagccatg gagaaggaag tttggatcca atgtaatgaa gcgctttcta agtcagaatt 360
tccctgcaat ggtgtggcct gattcaataa aaattaagaa taataaatat aatggaaaaa 420
aatctccact gattgagtgt ttacttgggt ccaagcacta tgctaagttg ttcattattt 480
tatttaattg ttacagcaat tttgagtatg catctttcac tattttataa gtggaaaaga 540
gaagtgcgcc caaaaagtta gagctcaaac agcagcttat tctaccagcc cctgctcttg 600
cggaggcctc tggaaaagac ctgaatgaca cctattggag aatcacatct acaaggggct 660
tcaaacagac caaatagatc atcacctctg tggcccttg ttaactatat gttctgagac 720
aaaggaaagc taccctaagg gttagttaac ctttgcctgag gaaatttaca ttcatactta 780
gagtgaatta ctcagggtgtg cttagggtgtg caaaagggaa ggagacctga attcaccaag 840
ttaaatcttg ctaaaccctta tcataagcat ttttgagcgt cttagcatac accaagcctt 900
gtggaagggtg ctttccctgcc atatctcatt taatcctcac agcaaaccta tagaatatgg 960
cattatcgtc tgagtctcac agaagtttag tctgtactc aaggtcttac cagctagtga 1020
acagcagacc aagactggaa acccaggata gtctgatacc tgagccatct cttctgtgc 1080
tacgcctagt tattctgtcc cccaaatcaa aaggcatgac ctttataaga ggcgctttac 1140
tgacaatagc tgcaatttta actttgaaaa tgattcagaa ttatcaaaga tagtagattc 1200
gaatgacatg attgtctata atctcgatag ccttgtactg tgtgtgcata gcaattacag 1260
ggaagtaatc tagctcctga ctattatgtc gaactatgtc gctgcttttt acaaacttgt 1320
cttgatccaa agcagtcaca atgataaccc tgcatactctg ggaatcataa gtcaactatg 1380
tatccctgtg tgtgtatata tatgtatgta tgtatctatt ttcaaactgt gatttaatat 1440
ttaaatattc ctactgccat ttttgtgact gaaaactac acatgaggaa acgtcttaga 1500
atthtccaat agaggaaaaa taacacttgg gcaatctgtc atgtttcaca acagttctca 1560
tttttctcat gatttgtgta gcgtggaatg tgttgcctca atgtgaaggg ttttcattgc 1620
tcaatttctc tgtgtaagtc ttttccttaa ggtataaac catcagcaaa gtc 1673

```

<210> 8

<211> 1712

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (485).. (1249)

<400> 8

```

ctcacgcagc caacatggct ccagtggagc acgttgtggc ggatgctggg gotttccctgc 60
ggcatgcggc tctgcaggac atcgggaaga acatttacac catccgggag gtggtcactg 120
agattcggga caaggccaca cgcaggcggc tcgtgtcct gccctacgag ctgcggttca 180
aggagccctt accggaatac gtgcggctgg tgactgagtt ttoaaagaaa acaggagact 240
acccagccct ctctgccacg gacatccaag tgttgcactc acataccagt tggaagcaga 300
gtttgttggg gtgtctcacc taaaacaaga accacagaag gttaaggtga gctcatcgat 360
tcagcaccga gaaacacctc tgcacatttc tggtttccat ctgccctaca agcctaaacc 420
cccacaagaa acagaaaaag gacactcagc ttgtgagcct gagaacctgg aatttagttc 480
cttcatgttc tggagaaacc ctttgcccaa catgatcat gaactgcagg agctgctgat 540

```

10/175

```

tgacagaggt gaggacgttc caagtgagga ggaggaggag gaagaaaacg ggtttgaaga 600
cagaaaaagat gacagcgtg acgacggggg tggctggata acccccagta acatcaagca 660
gatccagcag gagctggagc agtgtgacgt ccccgaggac gtgcgggttg gctgcctgac 720
cacagacttc gccatgcaga atgttctgct gcagatgggg ctgcacgtgc tggcgggtgaa 780
cggcatgctg attcgtgagg ccgggagcta catcttgccg tgccatggct gtttcaagac 840
aacgtctgac atgagcagag tgttctgctc aactgtggg aacaagacco tgaagaaagt 900
gtccgtgacc gtcagcgacg acggcaccct gcacatgcac ttctcccgca accccaaggt 960
gctgaacccc cgcggcctcc ggtactogct tcccactccc aaagggggca aatacgccat 1020
caacccccat ctcaccgagg atcagcgctt cctcagctg cgactctccc aaaaggccag 1080
gcagaaaacc aacgtgttcg cccctgacta catcgccggg gtgtcacctt ttgtogagaa 1140
tgacatctcc agccgtcag ctaccctgca ggtccgggac agcaccttgg gagctgggag 1200
gagacgotta aatcccaacg cttccagaaa gaagtttgtg aagaaaaggt gaagagcgag 1260
ttcccgaggg caaatggat gggcgtctgg ccgccgtgga gttccgggtg cccatttccc 1320
cagccgtgtc gttccagga ccaccgatg gaaataacag gcgggcttca cggtgoggct 1380
ctgtccgccc atgcccgcgt ggtctgcag ggaactggac tgtcccatgg cctgtgagca 1440
ccggagcgcc tggctgcctg ccaaggaagt gcaattgcat aaaaacagaa agaacaacgc 1500
cctggagcca atottcaaga aaggaatttc caaaggataa tatttttcta ataatgcgg 1560
ctgcaacctc ctgtgcattt aattaaatag gccaaatttt tgctgcttag gtcactctaa 1620
ggctgatact tgagctgtgt gccagagat catgcattta gatttatatt tttgccagaa 1680
aatacaaggt tataataaaa ctaagaacta cc 1712

```

<210> 9

<211> 255

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

```

Met Phe Trp Arg Asn Pro Leu Pro Asn Ile Asp His Glu Leu Gln Glu
  1           5           10           15
Leu Leu Ile Asp Arg Gly Glu Asp Val Pro Ser Glu Glu Glu Glu
  20           25           30
Glu Glu Asn Gly Phe Glu Asp Arg Lys Asp Asp Ser Asp Asp Asp Gly
  35           40           45
Gly Gly Trp Ile Thr Pro Ser Asn Ile Lys Gln Ile Gln Glu Leu
  50           55           60
Glu Gln Cys Asp Val Pro Glu Asp Val Arg Val Gly Cys Leu Thr Thr
  65           70           75           80
Asp Phe Ala Met Gln Asn Val Leu Leu Gln Met Gly Leu His Val Leu
  85           90           95
Ala Val Asn Gly Met Leu Ile Arg Glu Ala Arg Ser Tyr Ile Leu Arg
 100           105           110
Cys His Gly Cys Phe Lys Thr Thr Ser Asp Met Ser Arg Val Phe Cys
 115           120           125
Ser His Cys Gly Asn Lys Thr Leu Lys Lys Val Ser Val Thr Val Ser
 130           135           140
Asp Asp Gly Thr Leu His Met His Phe Ser Arg Asn Pro Lys Val Leu
 145           150           155           160

```

11/175

Asn Pro Arg Gly Leu Arg Tyr Ser Leu Pro Thr Pro Lys Gly Gly Lys
 165 170 175
 Tyr Ala Ile Asn Pro His Leu Thr Glu Asp Gln Arg Phe Pro Gln Leu
 180 185 190
 Arg Leu Ser Gln Lys Ala Arg Gln Lys Thr Asn Val Phe Ala Pro Asp
 195 200 205
 Tyr Ile Ala Gly Val Ser Pro Phe Val Glu Asn Asp Ile Ser Ser Arg
 210 215 220
 Ser Ala Thr Leu Gln Val Arg Asp Ser Thr Leu Gly Ala Gly Arg Arg
 225 230 235 240
 Arg Leu Asn Pro Asn Ala Ser Arg Lys Lys Phe Val Lys Lys Arg
 245 250 255

<210> 10
 <211> 1993
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (13).. (981)

<400> 10

ccagattacc tgatgcagct gatgaacgac aagaagctca tgagcagcct gcccaacttc 60
 tgcgggatct tcaaccacct cgagcggctg ctggacgaag aaattagcag agtacggaaa 120
 gacatgtaca atgacacatt aaatggcagt acagagaaaa ggagtgcaga attgctgat 180
 gctgtgggac ctattgttca gttacaagag aaactttatg tgcctgtaaa agaataccca 240
 gattttaatt ttgttgggag aatccttggc cctagaggac ttacagccaa acaacttgaa 300
 gcagaaaccg gatgtaaaat catggtccga ggcaaaggct caatgaggga taaaaaaaaag 360
 gaggagcaaa atagaggcaa gcccaatttg gagcatctaa atgaagattt acatgtacta 420
 atcactgttg aagatgctca gaacagagca gaaatcaaat tgaagagagc agttgaagaa 480
 gtgaagaat tattggtacc tgcagcagaa ggagaagaca gctgaagaa gatgcagctg 540
 atggagcttg cgattctgaa tggcacctac agagatgcca acattaaatc accagocctt 600
 gccttttctc ttgcagcaac agcccaggct gctccaagga tcattactgg gcctgcgccg 660
 gtctccacac cagctgccct gcgtactcct acgccagctg gccctaccat aatgcctttg 720
 atcagacaaa tacagaccgc tgctcatgca aacggaactc ctoacccaac tgcctgaata 780
 gtctctccag ggcccgaagc tggtttaatc tatacacctt atgagtacc ctaacacattg 840
 gcaccagcta catcaatcct tgagtatcct attgaaccta gtggtgtatt aggtgcggtg 900
 gctactaaag ttcgaaggca cgatatgcgt gtccatcctt accaaaggat tgtgaccgca 960
 gaccgagccg ccaccggcaa ctaacctatg acctctgac ctctgaactc ttaacccaat 1020
 gatgacctga ccatgcctgc ctgctgatca gtttaactgg aatgcctttt gcttgccctg 1080
 cgtcagtga cgcagctgag gcacttgtcc gttcgtctta ccctctaacc aaacaaaaga 1140
 caaagaaatt ttgtctctcc aactaagctt tttttttttt tttttcctgt ttgggtgaaa 1200
 gtggttctag aaactgcact gaatagtagt aaagcaataa ggccaattc atcccacagc 1260
 actgatcatc ttttaatatc ccaccctaag cgaacggtaa gaaggcctct ctaagaagg 1320
 ggagacagat ggtccttaac tactcaatga cagaggcagt tactgtgaga gacttctagg 1380
 aatcttttct ttctcatagc gaagtcaaag ctctctctga atgtactgtg tgatgatgca 1440

12/175

```

tcatgcatga accttcgggc agggatatca ttggtgaagt gatttcaaaa agtattcaaa 1500
atttgatatg ctgttttagtc actacagtgc cctcaaaggg cagaagttgc agcctttttt 1560
atattgcctg ccaaaatttg aagtattaga agaaagtgtg ccatgagaga aaaacttaag 1620
gagttttgaa aagtaatgoa aataacaaaa ctgcaacaact atttttaaaa agataaatat 1680
ctgagttaaa attactgaat ctttatttta cacctaaaaa aatatgagaa caaggtacat 1740
gcattatgtg tcacattact gggcaaaactg ttcaagtatt tttttttaa cctccctgta 1800
tagaaaaaaa tcattaagga tgtaaaagcc atgcttgcc atttgotgta tacatgtaat 1860
gaaattgtag ataaagtgtg gtgcattgaa acaaatgaac aaaaagtaga tacttttact 1920
atacaagggt gctggtgcag aaaaaaatat atatatattt ggaaatgtag cattttatac 1980
tttcaagtgt tat 1993

```

<210> 11
 <211> 323
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 11

Met	Gln	Leu	Met	Asn	Asp	Lys	Lys	Leu	Met	Ser	Ser	Leu	Pro	Asn	Phe
1				5					10					15	
Cys	Gly	Ile	Phe	Asn	His	Leu	Glu	Arg	Leu	Leu	Asp	Glu	Glu	Ile	Ser
		20						25					30		
Arg	Val	Arg	Lys	Asp	Met	Tyr	Asn	Asp	Thr	Leu	Asn	Gly	Ser	Thr	Glu
	35						40					45			
Lys	Arg	Ser	Ala	Glu	Leu	Pro	Asp	Ala	Val	Gly	Pro	Ile	Val	Gln	Leu
	50					55					60				
Gln	Glu	Lys	Leu	Tyr	Val	Pro	Val	Lys	Glu	Tyr	Pro	Asp	Phe	Asn	Phe
	65				70					75					80
Val	Gly	Arg	Ile	Leu	Gly	Pro	Arg	Gly	Leu	Thr	Ala	Lys	Gln	Leu	Glu
			85						90					95	
Ala	Glu	Thr	Gly	Cys	Lys	Ile	Met	Val	Arg	Gly	Lys	Gly	Ser	Met	Arg
			100					105					110		
Asp	Lys	Lys	Lys	Glu	Glu	Gln	Asn	Arg	Gly	Lys	Pro	Asn	Trp	Glu	His
	115						120					125			
Leu	Asn	Glu	Asp	Leu	His	Val	Leu	Ile	Thr	Val	Glu	Asp	Ala	Gln	Asn
	130					135					140				
Arg	Ala	Glu	Ile	Lys	Leu	Lys	Arg	Ala	Val	Glu	Glu	Val	Lys	Lys	Leu
	145				150					155					160
Leu	Val	Pro	Ala	Ala	Glu	Gly	Glu	Asp	Ser	Leu	Lys	Lys	Met	Gln	Leu
			165					170					175		
Met	Glu	Leu	Ala	Ile	Leu	Asn	Gly	Thr	Tyr	Arg	Asp	Ala	Asn	Ile	Lys
	180							185					190		
Ser	Pro	Ala	Leu	Ala	Phe	Ser	Leu	Ala	Ala	Thr	Ala	Gln	Ala	Ala	Pro
	195						200					205			
Arg	Ile	Ile	Thr	Gly	Pro	Ala	Pro	Val	Leu	Pro	Pro	Ala	Ala	Leu	Arg
	210				215						220				
Thr	Pro	Thr	Pro	Ala	Gly	Pro	Thr	Ile	Met	Pro	Leu	Ile	Arg	Gln	Ile
	225				230					235				240	

13/175

Gln Thr Ala Val Met Pro Asn Gly Thr Pro His Pro Thr Ala Ala Ile
 245 250 255
 Val Pro Pro Gly Pro Glu Ala Gly Leu Ile Tyr Thr Pro Tyr Glu Tyr
 260 265 270
 Pro Tyr Thr Leu Ala Pro Ala Thr Ser Ile Leu Glu Tyr Pro Ile Glu
 275 280 285
 Pro Ser Gly Val Leu Gly Ala Val Ala Thr Lys Val Arg Arg His Asp
 290 295 300
 Met Arg Val His Pro Tyr Gln Arg Ile Val Thr Ala Asp Arg Ala Ala
 305 310 315 320
 Thr Gly Asn

<210> 12
 <211> 1570
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (101).. (1147)

<400> 12
 acgatttgaa cgctctgcct tgcagctcct ctggaccgag gagcccaaag ccctaccctc 60
 accattcacc aggttacagt tcttatccac gtgaatacac atggctctgt tacgaaaaat 120
 taatcagggtg ctgctgttcc ttctgatcgt gaccctctgt gtgattctgt ataagaaagt 180
 tcataagggg actgtgocca agaattgacac agatgatgaa tccgagactc ctgaagaact 240
 ggaagaagag attcctgtgg tgatttgtgc tgcagcaggg aggatgggtg ccactatggc 300
 tgccatcaat agctcttaca gcaacactga cgccaacatc ttgttctatg tagtgggact 360
 ccggaatact ctgactogaa tacgaaaatg gattgaacat tccaaaactga gagaaataaa 420
 ctttaaaatc gtggaattca accgatgggt cctcaaaggg aagatcagac cagactcatc 480
 gaggcctgaa ttgctccagc cctgaactt ttgttcgatt tatctccctc tacttatcca 540
 ccaacacgag aaagtcactt atttggaaga tgatgtaatt gtacaagggt atatccaaga 600
 actgtatgac accaccttgg cctggggcca cgogggcggt ttctcagatg actgcgattt 660
 gccctctgct caggacataa acagactcgt gggacttcag aacacatata tgggctatct 720
 ggactaccgg aagaaggcca tcaaggacct tggcatcagc cccagcacct gctctttcga 780
 tcctgggtgtg attgttgcca acatgacaga atggaagcac cagcgcatac ccaagcaatt 840
 ggagaaatgg atgcaaaaga atgtggagga aaacctctat agcagctccc tgggaggagg 900
 ggtggccacc tcccgaatgc tgatttgtgt tcatgggaaa tattccaca ttaacccct 960
 gtggcacata aggcacctgg gctggaatcc agatgccaga tattcggagc attttctgca 1020
 ggaagctaaa ttactccact ggaatggaag acataaacct tgggacttcc ctagtgttca 1080
 caacgactta tgggaagct gggttgttcc tgacctgca gggatattta aactcaatca 1140
 ccatagctga tataactota ccttaaaat attccctgta tagaaatgtg gaattgtccc 1200
 ttgttagcca actataacat tgtcttttat gaatattacc ttgatacat atgatccaca 1260
 atataaaaac caaaaactac tgtgtgcaaa ttataccttg gaccatatag gcattgatta 1320
 acttctttaa gtacatgtga taactatgga aatcaagatt atgtgactga aaaacataaa 1380
 ggaagagacc catctagata acagcaatca acctgcttaa ttctgaatga caattatata 1440

14/175

cacaaatttt taaaactttt acatgtattt ttacatgaa gatctcotta acaggttgcc 1500
 aacctttttt ttataaaaac tattacattt aaaatatgga cgtctgaaaa ataaaatatt 1560
 catcattttt 1570

<210> 13
 <211> 349
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 13

Met	Ala	Leu	Leu	Arg	Lys	Ile	Asn	Gln	Val	Leu	Leu	Phe	Leu	Leu	Ile
1				5					10					15	
Val	Thr	Leu	Cys	Val	Ile	Leu	Tyr	Lys	Lys	Val	His	Lys	Gly	Thr	Val
			20					25					30		
Pro	Lys	Asn	Asp	Thr	Asp	Asp	Glu	Ser	Glu	Thr	Pro	Glu	Glu	Leu	Glu
		35				40					45				
Glu	Glu	Ile	Pro	Val	Val	Ile	Cys	Ala	Ala	Ala	Gly	Arg	Met	Gly	Ala
	50					55					60				
Thr	Met	Ala	Ala	Ile	Asn	Ser	Phe	Tyr	Ser	Asn	Thr	Asp	Ala	Asn	Ile
65					70					75				80	
Leu	Phe	Tyr	Val	Val	Gly	Leu	Arg	Asn	Thr	Leu	Thr	Arg	Ile	Arg	Lys
			85						90					95	
Trp	Ile	Glu	His	Ser	Lys	Leu	Arg	Glu	Ile	Asn	Phe	Lys	Ile	Val	Glu
			100					105					110		
Phe	Asn	Pro	Met	Val	Leu	Lys	Gly	Lys	Ile	Arg	Pro	Asp	Ser	Ser	Arg
	115						120					125			
Pro	Glu	Leu	Leu	Gln	Pro	Leu	Asn	Phe	Val	Arg	Phe	Tyr	Leu	Pro	Leu
	130					135					140				
Leu	Ile	His	Gln	His	Glu	Lys	Val	Ile	Tyr	Leu	Asp	Asp	Asp	Val	Ile
145					150					155				160	
Val	Gln	Gly	Asp	Ile	Gln	Glu	Leu	Tyr	Asp	Thr	Thr	Leu	Ala	Leu	Gly
			165						170					175	
His	Ala	Ala	Ala	Phe	Ser	Asp	Asp	Cys	Asp	Leu	Pro	Ser	Ala	Gln	Asp
			180					185					190		
Ile	Asn	Arg	Leu	Val	Gly	Leu	Gln	Asn	Thr	Tyr	Met	Gly	Tyr	Leu	Asp
	195						200					205			
Tyr	Arg	Lys	Lys	Ala	Ile	Lys	Asp	Leu	Gly	Ile	Ser	Pro	Ser	Thr	Cys
	210					215					220				
Ser	Phe	Asp	Pro	Gly	Val	Ile	Val	Ala	Asn	Met	Thr	Glu	Trp	Lys	His
225				230						235				240	
Gln	Arg	Ile	Thr	Lys	Gln	Leu	Glu	Lys	Trp	Met	Gln	Lys	Asn	Val	Glu
			245						250					255	
Glu	Asn	Leu	Tyr	Ser	Ser	Ser	Leu	Gly	Gly	Gly	Val	Ala	Thr	Ser	Pro
	260							265					270		
Met	Leu	Ile	Val	Phe	His	Gly	Lys	Tyr	Ser	Thr	Ile	Asn	Pro	Leu	Trp
	275						280					285			
His	Ile	Arg	His	Leu	Gly	Trp	Asn	Pro	Asp	Ala	Arg	Tyr	Ser	Glu	His

15/175

290		295		300											
Phe	Leu	Gln	Glu	Ala	Lys	Leu	Leu	His	Trp	Asn	Gly	Arg	His	Lys	Pro
305				310					315						320
Trp	Asp	Phe	Pro	Ser	Val	His	Asn	Asp	Leu	Trp	Glu	Ser	Trp	Phe	Val
			325					330						335	
Pro	Asp	Pro	Ala	Gly	Ile	Phe	Lys	Leu	Asn	His	His	Ser			
		340						345							

<210> 14
 <211> 1962
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (213).. (938)

<400> 14
 agtgcgcac cggacgtagg aggtggaggt tgtggaattc gccgttcgaa agcagggact 60
 aaaagcccca ttctgtctta cgttcgaaa ggaaggcgtc tgttgagcct ttctctcagt 120
 cgtgagggag gcgtgcacgg cgtgcggaag tcctgagttg aggccttgcg gatcctttcc 180
 ggagaaagcg caggctaaag ccgcaggiga agatgtccaa ctacgtgaac gacatgiggc 240
 cgggctcgcc gcaggagaag gattogccct cgacctogcg gtccggcggg tccagccggc 300
 tgtcgtcgcg gtctaggagc cgtcttttt ccagaagctc tcgggtccat tcccgcgtct 360
 cgagccggtt ttctgtccagg agtcggagga gcaagtccag gtcccgttcc cgaaggcgcc 420
 accagcggaa gtacaggcgc tactcggcgt cactctcgcg gacccggtcg cgtatcccgca 480
 gccgccgtta ccgagagagg cgtacgggt tcaccaggag atactaccg tctccttcgc 540
 ggtaccggtc ccggtcccg agcaggctcg gctctcgggg aaggctgtac tgcggaaggc 600
 cgtacgogag ccgcggggga cagcgtact acggcttgg tcgcacagtg taccggaggc 660
 agcacagcag atggagggag agatccagga cgaggtcgcg gacgagaacc ccttttcgtc 720
 taagtgaaaa agatcgaatg gagctgttag aaatagcaaa aaccaatgca gcgaaagctc 780
 taggaacaac caacattgac ttgccagcta gtctcagaac tgttccttca gccaaagaaa 840
 caagccgttg aatagggtga tcaagtaatg gtgcaaaagg tgaagtaagt attctaggtt 900
 tgtcggaaca aaactttcag aaagccaact gtcaaatctg attagccact tatatcttag 960
 actatacttt ttgggaagtc tagagatgta tataatgtgc taaattcaaa gtagcaaatc 1020
 tgaagatagg caatgtcaaa cccatgaaaa tgggagatta atgagcttta tttggccgtg 1080
 catggtgcct catgcctgta atgaggcaga tggcttgagt ccaggagttc aagactagcc 1140
 tgggcaatgt ggcaaaaccg cgtgtttaca aaaaatacaa aaattagcca ggcattgttg 1200
 tgcattgcct tagtcccagc tgtttgggag gctgaggcag gaggatcttt gaggctagga 1260
 tgctaagggt gcagttagcc aagatggcac cattgcactc tagcctgggc agcagagcga 1320
 gacctgtct caaaaaatc atttattttt ttcattttca gttacagtg tactcttata 1380
 acaccgttat tagctggtac tttggtgatt tctattacta gtttttctaa gctatttata 1440
 gagtgtttgt agcttttcatt tgcagcatta gtgtccaca aattctgtac tcagcatata 1500
 cagtatagtt tatctgctct atttctgtct tatagaaatc atgaatgttg tctgcagaca 1560
 ttgatgaaga aaatctgttg gtaattgata catgggctaa agcatcagag gtttaatttg 1620
 aagtttatgt tcacacactg aaaacttagt tttttgttg gtagatccat gtgcatgcta 1680
 gaatttggga caggcaactat ttgcataaag tattaaagtc aattttttaa ctaagcaag 1740

16/175

gtacacgttg taacgggtggg gcatctgtga aaaagatgtc cctttcataa tatatgcaat 1800
 atattccaga tgttttgaga gattacagaa gaggaggcct gcttcacttg cagataagtt 1860
 tattataatt ctccagaaat gtgcaggatg tgcattagca aattgcactg tacttttcaac 1920
 tccagcctgg gtgacagagc aagactccccg tctogggggc tt 1962

<210> 15

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Met	Ser	Asn	Tyr	Val	Asn	Asp	Met	Trp	Pro	Gly	Ser	Pro	Gln	Glu	Lys
1				5					10					15	
Asp	Ser	Pro	Ser	Thr	Ser	Arg	Ser	Gly	Gly	Ser	Ser	Arg	Leu	Ser	Ser
		20						25					30		
Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Phe	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg	Ser	His	Ser	Arg
		35					40					45			
Val	Ser	Ser	Arg	Phe	Ser	Ser	Arg	Ser	Arg	Arg	Ser	Lys	Ser	Arg	Ser
	50					55				60					
Arg	Ser	Arg	Arg	Arg	His	Gln	Arg	Lys	Tyr	Arg	Arg	Tyr	Ser	Arg	Ser
	65				70					75					80
Tyr	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Arg	Tyr	Arg	Glu	Arg
			85					90						95	
Arg	Tyr	Gly	Phe	Thr	Arg	Arg	Tyr	Tyr	Arg	Ser	Pro	Ser	Arg	Tyr	Arg
		100						105					110		
Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Gly	Arg	Ser	Tyr	Cys	Gly
		115					120						125		
Arg	Ala	Tyr	Ala	Ile	Ala	Arg	Gly	Gln	Arg	Tyr	Tyr	Gly	Phe	Gly	Arg
	130					135					140				
Thr	Val	Tyr	Pro	Glu	Glu	His	Ser	Arg	Trp	Arg	Asp	Arg	Ser	Arg	Thr
	145				150					155					160
Arg	Ser	Arg	Ser	Arg	Thr	Pro	Phe	Arg	Leu	Ser	Glu	Lys	Asp	Arg	Met
			165						170					175	
Glu	Leu	Leu	Glu	Ile	Ala	Lys	Thr	Asn	Ala	Ala	Lys	Ala	Leu	Gly	Thr
		180						185					190		
Thr	Asn	Ile	Asp	Leu	Pro	Ala	Ser	Leu	Arg	Thr	Val	Pro	Ser	Ala	Lys
	195						200					205			
Glu	Thr	Ser	Arg	Gly	Ile	Gly	Val	Ser	Ser	Asn	Gly	Ala	Lys	Pro	Glu
	210					215					220				
Val	Ser	Ile	Leu	Gly	Leu	Ser	Glu	Gln	Asn	Phe	Gln	Lys	Ala	Asn	Cys
	225				230					235					240
Gln	Ile														

<210> 16

<211> 3553

17/175

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1699)..(2994)

<400> 16

```
aggggCGGGC gCGCCGCTgc atccccatcc tcgtcgtcgc cgggcacagc gCGagcgggc 60
gagCGGCGCG gCGGCGCGga gCGCCGaggc cgggccatgg ccaccaccag caccacgggc 120
tccaccctgc tgcagccct cagcaacgcc gtgcagctgc ccacgcacca ggtcaacttt 180
gtagtgtgcc aactctttgc cttgctagca gccatttggc ttCGaaotta tctacattca 240
agcaaaacta gctcttttat aagacatgta gttgctaccc ttttgggcct ttatcttgca 300
cttttttgct ttggatggta tgccttacac tttcttgta aaagtggat ttctactgt 360
atcatgatca tcataggagt ggagaacatg cacaattact gctttgtgt gatgaatccc 420
ctaattgatt tggtaaaaat cattaagtta aggtggatac acatcttgct atatgatcaa 480
atggttttgc gaaaaatcaa taatcagaca acaagatgtg cgaactogat attttacacg 540
actctcttta ccaattctgc ccgaattac acttaaaacg actcaacagc ttaacgttgg 600
cttgccacgc attacttgac tgtaaaactc tcactcttac cgaacttggc cgtaacctgc 660
caaccaaagc gagaacaaaa cataacatca aacgaatcga ccgattgtta ggtaatcgtc 720
acctccacaa agagcgactc gctgtatacc gttggcatgc tagctttatc tgttcgggca 780
atacgaatgc cattgtactt gttgactggt ctgatattcg tgagcaaaaa cgaacttatg 840
tattgcagac ttcagtcgca ctacacggtc gttctgttac tctttatgag aaagcgttcc 900
cgotttcaga gcaatgttca aagaaagctc atgaccaatt tctagccgac cttgcgagca 960
ttctaccgag taacaccaca ccgctcattg tcagtgtatg tggctttaa gtgccatggt 1020
ataaatccgt tgagaagctg ggttggtaact ggttaagtgc agtaagagga aaagtacaat 1080
atgcagacct aggagcggaa aactggaaac ctatcagcaa cttacatgat atgtcatcta 1140
gtcactcaaa gacttttagc tataagaggc tgactaaaag caatccaatc tcatgccaaa 1200
ttctattgta taaatctcgc tctaaaggcc gaaaaaatca gcgctcgaca cggactcatt 1260
gtcaccaccc gtcacctaaa atctactcag cgtcggcaaa ggagccatgg gttctagcaa 1320
ctaacttacc tgttgaaatt cgaacaccca aacaacttgt taatatctat tcgaagcgaa 1380
tgcagattga agaaacctc cgagacttga aaagtcotgc ctacggacta ggccatcgcc 1440
atagccgaac gagcagctca gagcgttttg atatcatgct gctaatoGCC ctgatgcttc 1500
aactaacatg ttggcttgcc ggcgttcatt ctCagaaaca aggttgggac aagcacttcc 1560
aggctaacac agtcagaaat cgaaacgtac tctcaacagt tgccttaggc atggaagttt 1620
tgCGGcattc tggctacaca ataacaaggg aagacttact cgtggctgca accctactag 1680
ctcaaaattt attcacacat ggttacgott tggggaaatt atgaggggat ctctcagtgc 1740
tttgigtgtg ctctgggata cctcacagtg tgcCaagtta ctCagicta tatctttgac 1800
tatggacaat attctgctga ttttccaggc ccaatgatga tcattactca gaagatcaat 1860
agtttggctt gcgaaattca tgatgggatg tttcggaagg atgaagaact gacttctca 1920
cagagggatt tagctgtaag gcgcatgcc aacttactgg agtatttgag ttacaactgt 1980
aacttcatgg ggatcctggc aggcccaatt tgcctttaca aagaotacat taacttcaat 2040
gaaggcagat cataccatat cacacaatct ggtgaaaatg gaaaagaaga gacacagtat 2100
gaaagaacag agccatctcc aaatactgcg gttgttcaga agctcttagt ttgtgggctg 2160
tccttgttat ttcacttgac catctgtaca acattacctg tggagtacaa cattgatgag 2220
cattttcaag ctacagcttc gtggccaaca aagattatct atctgtatat ctctcttttg 2280
gctgccagac ccaaatacta ttttgcatgg acgctagctg atgccattaa taatgctgca 2340
ggctttgggt tcagagggtg tgacgaaat ggagcagctc gctgggactt aatttccaat 2400
```

18/175

```

ttgagaattc aacaaataga gatgtcaaca agtttcaaga tgtttcttga taattggaat 2460
attcagacag ctctttggct caaaagggtg tgttatgaac gaacctcctt cagtccaact 2520
atccagacgt tcattctctc tgccatttgg cacggggtat acccaggata ttatctaacg 2580
tttctaacag ggggtttaat gacattagca gcaagagcta tgagaaataa ctttagacat 2640
tatttcattg aaccttccca actgaaatta ttttatgatg ttataacatg gatagtaact 2700
caagtagcaa taagttacac agttgtgcca tttgtgcttc tttctataaa accatcactc 2760
acgtttttaca gctcctggta ttattgcctg cacattcttg gtatcttagt attattgttg 2820
ttgccagtga aaaaaactoa aagaagaaag aatacacatg aaaacattca gctctcacia 2880
tccagaaagt ttgatgaagg agaaaattct ttgggacaga acagtttttc tacaacaaac 2940
aatgttttga atcagaatca agaaatagcc tcgagacatt catcactaaa gcagtgatcg 3000
ggaaggctct gagggctgtt ttttttttg atgttaacag aaaccaatct tagcaccttt 3060
tcaaggggtt tgagtttgtt ggaaaagcag ttaactgggg ggaaaiggac agttatagat 3120
aaggaatttc ctgtacacca gattggaaat ggagtgaac aagccctccc atgccatgtc 3180
cccggtggcc acgccttatg taagaatatt tccatatttc agtgggcaact cccaacctca 3240
gcacttgtcc gtagggtcac acgcgtgccc tgttgotgaa tgtatgttgc gtatcccaag 3300
gcactgaaga ggtggaaaaa taatcgtgtc aatctggatg atagagagaa attaaacttt 3360
ccaaatgaat gtcttgccct aaacctctta ttctctaaaa tattgttctt aaatgggtatt 3420
ttcaagtgtg atattgtgag aacgctactg cagtagttga tgttgtgtgc tgtaaaggat 3480
tttaggagga atttgaaaca ggatatitaa gagtgtggat atttttaaaa tgcaataaac 3540
atctcagtat ttg                                     3553

```

<210> 17

<211> 432

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

```

Met Val Thr Leu Trp Gly Asn Tyr Glu Gly Ile Ser Gln Cys Phe Val
  1           5           10          15
Phe Ala Leu Gly Tyr Leu Thr Val Cys Gln Val Thr Arg Val Tyr Ile
      20           25           30
Phe Asp Tyr Gly Gln Tyr Ser Ala Asp Phe Ser Gly Pro Met Met Ile
      35           40           45
Ile Thr Gln Lys Ile Thr Ser Leu Ala Cys Glu Ile His Asp Gly Met
      50           55           60
Phe Arg Lys Asp Glu Glu Leu Thr Ser Ser Gln Arg Asp Leu Ala Val
      65           70           75           80
Arg Arg Met Pro Ser Leu Leu Glu Tyr Leu Ser Tyr Asn Cys Asn Phe
      85           90           95
Met Gly Ile Leu Ala Gly Pro Leu Cys Ser Tyr Lys Asp Tyr Ile Thr
      100          105          110
Phe Ile Glu Gly Arg Ser Tyr His Ile Thr Gln Ser Gly Glu Asn Gly
      115          120          125
Lys Glu Glu Thr Gln Tyr Glu Arg Thr Glu Pro Ser Pro Asn Thr Ala
      130          135          140
Val Val Gln Lys Leu Leu Val Cys Gly Leu Ser Leu Leu Phe His Leu
      145          150          155          160

```

19/175

Thr	Ile	Cys	Thr	Thr	Leu	Pro	Val	Glu	Tyr	Asn	Ile	Asp	Glu	His	Phe
				165					170					175	
Gln	Ala	Thr	Ala	Ser	Trp	Pro	Thr	Lys	Ile	Ile	Tyr	Leu	Tyr	Ile	Ser
			180					185					190		
Leu	Leu	Ala	Ala	Arg	Pro	Lys	Tyr	Tyr	Phe	Ala	Trp	Thr	Leu	Ala	Asp
		195					200					205			
Ala	Ile	Asn	Asn	Ala	Ala	Gly	Phe	Gly	Phe	Arg	Gly	Tyr	Asp	Glu	Asn
	210					215					220				
Gly	Ala	Ala	Arg	Trp	Asp	Leu	Ile	Ser	Asn	Leu	Arg	Ile	Gln	Gln	Ile
225					230					235					240
Glu	Met	Ser	Thr	Ser	Phe	Lys	Met	Phe	Leu	Asp	Asn	Trp	Asn	Ile	Gln
				245					250					255	
Thr	Ala	Leu	Trp	Leu	Lys	Arg	Val	Cys	Tyr	Glu	Arg	Thr	Ser	Phe	Ser
			260					265					270		
Pro	Thr	Ile	Gln	Thr	Phe	Ile	Leu	Ser	Ala	Ile	Trp	His	Gly	Val	Tyr
	275						280					285			
Pro	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Phe	Leu	Thr	Gly	Val	Leu	Met	Thr	Leu	Ala
	290					295					300				
Ala	Arg	Ala	Met	Arg	Asn	Asn	Phe	Arg	His	Tyr	Phe	Ile	Glu	Pro	Ser
305					310					315					320
Gln	Leu	Lys	Leu	Phe	Tyr	Asp	Val	Ile	Thr	Trp	Ile	Val	Thr	Gln	Val
				325					330					335	
Ala	Ile	Ser	Tyr	Thr	Val	Val	Pro	Phe	Val	Leu	Leu	Ser	Ile	Lys	Pro
			340					345					350		
Ser	Leu	Thr	Phe	Tyr	Ser	Ser	Trp	Tyr	Tyr	Cys	Leu	His	Ile	Leu	Gly
		355					360					365			
Ile	Leu	Val	Leu	Leu	Leu	Leu	Pro	Val	Lys	Lys	Thr	Gln	Arg	Arg	Lys
	370					375					380				
Asn	Thr	His	Glu	Asn	Ile	Gln	Leu	Ser	Gln	Ser	Arg	Lys	Phe	Asp	Glu
385					390					395					400
Gly	Glu	Asn	Ser	Leu	Gly	Gln	Asn	Ser	Phe	Ser	Thr	Thr	Asn	Asn	Val
				405					410					415	
Cys	Asn	Gln	Asn	Gln	Glu	Ile	Ala	Ser	Arg	His	Ser	Ser	Leu	Lys	Gln
			420					425					430		

<210> 18

<211> 1031

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (102).. (734)

<400> 18

gggttgagcg ggaggcgga tcggtccggt cgggtggtcc ccgcggcggg gccgggcccg 60
 atctcgggcg ggaaccgagc gcagagccgg tagcgggaag gatgaccacg ctacacgac 120

20/175

```

aagacctcaa ctttggccaa gtggtggcgg atgtgtctctg cgagttcctg gaggtggctg 180
tgcattctcat cctctacgtg cgcgaggtct acccgtggg catcttcag aaacgcaaga 240
agtacaacgt gccggtccag atgtcctgcc acccggagct gaatcagtat atccaggaca 300
cgctgcaactg cgtcaagcca ctcttgaga agaattgatgt ggagaaagtg gtggtggtga 360
ttttggataa agagcacccg ccagtgaga aattcgtctt tgagatcacc cagcctccac 420
tgctgtccat cagctcagac tcgtgttgt ctcatgtgga gcagctgtc ogggccttca 480
tcctgaagat cagcgtgtgc gatgcgtcc tggaccacaa cccccaggo tgaacttca 540
cagtcctggt gcacacgaga gaagccgcca ctgcgaacat ggagaagatc caggtcatca 600
aggatttccc ctggatcctg gcggatgagc aggatgtcca catgcatgac ccccggtga 660
taccactaaa aacctgacg tcggacattt taaagatgca gcttaactg gaagagcgcg 720
ctcataaagg cagctgaggg ggcacctgcc accccactga tgccaaaact gtcagacttt 780
gggggatccc cgcctagggc agtgtgtgat ggtgcccctg attccaagt ctcttatcgc 840
ctctgtgtgt ggatcggccg ccccgcccg gggccgctca ggtctgttg gaggatgcct 900
ccccaggag ggcatgagg gatgcgcaa cctcgacttc tcagctcct ggggttccgc 960
cggccaacac tgtctgtctc aaatactgtg ctgtgagttg tttcaataaa ggggccccaa 1020
gggctgggct g 1031

```

<210> 19

<211> 211

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

```

Met Thr Thr Leu Thr Arg Gln Asp Leu Asn Phe Gly Gln Val Val Ala
 1           5           10           15
Asp Val Leu Cys Glu Phe Leu Glu Val Ala Val His Leu Ile Leu Tyr
 20           25           30
Val Arg Glu Val Tyr Pro Val Gly Ile Phe Gln Lys Arg Lys Lys Tyr
 35           40           45
Asn Val Pro Val Gln Met Ser Cys His Pro Glu Leu Asn Gln Tyr Ile
 50           55           60
Gln Asp Thr Leu His Cys Val Lys Pro Leu Leu Glu Lys Asn Asp Val
 65           70           75           80
Glu Lys Val Val Val Ile Leu Asp Lys Glu His Arg Pro Val Glu
 85           90           95
Lys Phe Val Phe Glu Ile Thr Gln Pro Pro Leu Leu Ser Ile Ser Ser
100          105          110
Asp Ser Leu Leu Ser His Val Glu Gln Leu Leu Arg Ala Phe Ile Leu
115          120          125
Lys Ile Ser Val Cys Asp Ala Val Leu Asp His Asn Pro Pro Gly Cys
130          135          140
Thr Phe Thr Val Leu Val His Thr Arg Glu Ala Ala Thr Arg Asn Met
145          150          155          160
Glu Lys Ile Gln Val Ile Lys Asp Phe Pro Trp Ile Leu Ala Asp Glu
165          170          175
Gln Asp Val His Met His Asp Pro Arg Leu Ile Pro Leu Lys Thr Met
180          185          190

```

21/175

Thr Ser Asp Ile Leu Lys Met Gln Leu Tyr Val Glu Glu Arg Ala His
 195 200 205
 Lys Gly Ser
 210

<210> 20
 <211> 2869
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (569).. (2170)

<400> 20

cacgaagcag ggaaagggat ctggtaaaac ctaaatatga cctggataga acagatccat 60
 tagaaaataa ttatactcca gtctcttogg tacctagtat ttcactctggc cactaccctg 120
 tacctacttt gagcagcact attacagtaa ttgctoctac tcatcatgga aacaacacta 180
 ccgaaagtgt gtctgaattt catgaagacc aagtggacca taactcttac gtaagaccac 240
 ccatgccaaa gaaacgggtg agagactatg atgaaaaggg tttttgtatg agaggagaca 300
 tgtgtccttt tgatcatgga agtgatccag tagttgtaga agatgtgaat ctccctggta 360
 tgctgccttt cccagcacag cctcctgttg ttgaaggacc acctcctcct ggactcccc 420
 cactccacac aattottaca cccccacctg tgaatctcag gccccagta ccaccgccag 480
 gtccattgcc acccagtcct ccacctgtta cagatgatat ttcttattct ttggttttga 540
 caggaccacc acctccactt ccagacctat gtatagacac agagtgcag cacaaaggcc 600
 caacttgata ggactaacat caggggatat ggatttgcca cccagagaaa agcctcccaa 660
 taaaagcagt atgaggatag tagtggactc agaatoaagg aaaagaacca ttggttctgg 720
 agagcctgga gttcctacaa agaagacttg gtttgataaa ccaaatttta atagaacaaa 780
 cagcccaggc ttccagaaga aggttcaatt tggaaatgaa aataccaagc ttgaacttag 840
 aaaagtccct ccagaattaa ataataatcag caaacttaat gaacatttta gtcgatttgg 900
 aaccttgggt aacttacagg ttgcttataa tggatgcct gaagggtgcc taatccaatt 960
 tgcacataac gaagaagcaa agaaagcaat atcaagtacg gaagcagtat taaacaatcg 1020
 ctttattaag gtttattggc acagagaagg aagcaoccaa cagttacaaa ctacttctcc 1080
 aaagccttta gtccagcagc ccattttgcc tgtgtgaag cagtcagtca aagagcggct 1140
 ggtccagta cttcaagta ctattgaacc tgcagaagcc cagagtgcct cttcagacct 1200
 tctcagggtg ttgtctacat ctactggcct aacaaaaaca gtgtataatc cagctgcttt 1260
 gaaggotgca caggaaacct tacttgttct cactctgca gttgataata atgaagcaca 1320
 gaaaaaaaaa caggaggcat tgaacttca gcaggatgta aggaaaagga aacaagaaat 1380
 tttagaaaag cacattgaaa cacagaagat gtttaatttca aaactggaga aaaacaaaac 1440
 aatgaagtct gaagataaag cagaataaat gaaaacttta gaggttttga caaaaaatat 1500
 taccaagtig aaagatgagg tcaaagotgc ttctcctgga cgtgtcttc caaaaagtat 1560
 aaaaaccaag actcagatgc agaaggaatt acttgacaca gaactggatt tatataagaa 1620
 gatgcaggct ggagaagaag tcaactgaact taggagaaag tatacagaat tacagctgga 1680
 agctgccaaa cgagggtatc ttcatctgg tggggcaga ggaattcatt caagaggtcg 1740
 aggtgcagtt catggccgag gcagggggcg agggcgaggg cgaggtgtgc ctggatcatg 1800
 tgtgttggtat caccgtccca gggcatttga gatttctgca ttacgggga gcgatagaga 1860
 agatotttct cctcatttgg cgcaatatgg tgaattgaa gattgtcaga ttgatgattc 1920

22/175

```

ctcacttcat gcagtaatta cattcaagac aagagcagaa gctgaagcag ctgcagtcca 1980
tggagctcgt ttcaaagggc aagatctaaa actggcatgg aataaaccag taactaatat 2040
ttcagctgtt gaaacagaag aagttgagcc tgatgaagaa gaatttcagg aagagtcttt 2100
ggtggatgac tcattacttc aagatgatga tgaagaagaa gaggacaatg aatctcgttc 2160
ttggagaaga tgatttgact gatcattgat ctgcatatgc tagaactcta cctgtgtttc 2220
attagtatta tctaattgtac ttttacatat ttgtaaaaac aatttttggg aaaatgtgat 2280
gaagatggat ttcacaaata gacaaaaaag aagaaaaacta ccttctgato ttgtattttg 2340
aaagattgat gtttgcatth tacttcagta aacaattgct aaagacatca cactagaaac 2400
atatgcaatg tttttattac atactttctac tggacatcac agaattcttt gggttctttg 2460
taatttaatg aataggtctg aaaacttatg accaataactt gttataactt agaggacttt 2520
gttttattoc aaataaggaa tgaatttgca tttaaaatct taatgaatgt ttcaaaaact 2580
gaatagataa catagtactc taactaaagt ctccaagtta tgtattataa tattacatag 2640
tagtatgott aggcctttact atgtattagc cttttgttgg actgtgtatg tattttacca 2700
tatgggtttt aatgataatg gtgtatgact gctttacatg agtcottatg catccagatg 2760
ttataataaa gtggaatggg ctcttttaaaa aaaaaaaagg aaagaaaaga gaaaagcaat 2820
gacaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagcca agacaatgtt ccttgattt 2869

```

<210> 21

<211> 534

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

```

Met Tyr Arg His Arg Val His Ala Gln Arg Pro Asn Leu Ile Gly Leu
 1           5           10           15
Thr Ser Gly Asp Met Asp Leu Pro Pro Arg Glu Lys Pro Pro Asn Lys
          20           25           30
Ser Ser Met Arg Ile Val Val Asp Ser Glu Ser Arg Lys Arg Thr Ile
          35           40           45
Gly Ser Gly Glu Pro Gly Val Pro Thr Lys Lys Thr Trp Phe Asp Lys
          50           55           60
Pro Asn Phe Asn Arg Thr Asn Ser Pro Gly Phe Gln Lys Lys Val Gln
          65           70           75           80
Phe Gly Asn Glu Asn Thr Lys Leu Glu Leu Arg Lys Val Pro Pro Glu
          85           90           95
Leu Asn Asn Ile Ser Lys Leu Asn Glu His Phe Ser Arg Phe Gly Thr
          100          105          110
Leu Val Asn Leu Gln Val Ala Tyr Asn Gly Asp Pro Glu Gly Ala Leu
          115          120          125
Ile Gln Phe Ala Thr Tyr Glu Glu Ala Lys Lys Ala Ile Ser Ser Thr
          130          135          140
Glu Ala Val Leu Asn Asn Arg Phe Ile Lys Val Tyr Trp His Arg Glu
          145          150          155          160
Gly Ser Thr Gln Gln Leu Gln Thr Thr Ser Pro Lys Pro Leu Val Gln
          165          170          175
Gln Pro Ile Leu Pro Val Val Lys Gln Ser Val Lys Glu Arg Leu Gly
          180          185          190

```

23/175

Pro Val Pro Ser Ser Thr Ile Glu Pro Ala Glu Ala Gln Ser Ala Ser
 195 200 205
 Ser Asp Leu Pro Gln Val Leu Ser Thr Ser Thr Gly Leu Thr Lys Thr
 210 215 220
 Val Tyr Asn Pro Ala Ala Leu Lys Ala Ala Gln Glu Thr Leu Leu Val
 225 230 235 240
 Ser Thr Ser Ala Val Asp Asn Asn Glu Ala Gln Lys Lys Lys Gln Glu
 245 250 255
 Ala Leu Lys Leu Gln Gln Asp Val Arg Lys Arg Lys Gln Glu Ile Leu
 260 265 270
 Glu Lys His Ile Glu Thr Gln Lys Met Leu Ile Ser Lys Leu Glu Lys
 275 280 285
 Asn Lys Thr Met Lys Ser Glu Asp Lys Ala Glu Ile Met Lys Thr Leu
 290 295 300
 Glu Val Leu Thr Lys Asn Ile Thr Lys Leu Lys Asp Glu Val Lys Ala
 305 310 315 320
 Ala Ser Pro Gly Arg Cys Leu Pro Lys Ser Ile Lys Thr Lys Thr Gln
 325 330 335
 Met Gln Lys Glu Leu Leu Asp Thr Glu Leu Asp Leu Tyr Lys Lys Met
 340 345 350
 Gln Ala Gly Glu Glu Val Thr Glu Leu Arg Arg Lys Tyr Thr Glu Leu
 355 360 365
 Gln Leu Glu Ala Ala Lys Arg Gly Ile Leu Ser Ser Gly Arg Gly Arg
 370 375 380
 Gly Ile His Ser Arg Gly Arg Gly Ala Val His Gly Arg Gly Arg Gly
 385 390 395 400
 Arg Gly Arg Gly Arg Gly Val Pro Gly His Ala Val Val Asp His Arg
 405 410 415
 Pro Arg Ala Leu Glu Ile Ser Ala Phe Thr Gly Ser Asp Arg Glu Asp
 420 425 430
 Leu Leu Pro His Phe Ala Gln Tyr Gly Glu Ile Glu Asp Cys Gln Ile
 435 440 445
 Asp Asp Ser Ser Leu His Ala Val Ile Thr Phe Lys Thr Arg Ala Glu
 450 455 460
 Ala Glu Ala Ala Ala Val His Gly Ala Arg Phe Lys Gly Gln Asp Leu
 465 470 475 480
 Lys Leu Ala Trp Asn Lys Pro Val Thr Asn Ile Ser Ala Val Glu Thr
 485 490 495
 Glu Glu Val Glu Pro Asp Glu Glu Glu Phe Gln Glu Glu Ser Leu Val
 500 505 510
 Asp Asp Ser Leu Leu Gln Asp Asp Glu Glu Glu Glu Asp Asn Glu
 515 520 525
 Ser Arg Ser Trp Arg Arg
 530

<210> 22

<211> 1876

24/175

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (302).. (1243)

<400> 22

```
gaaggaagcc cccagcccct tccaggccct gttctcagat atcccgccca ggtacccgtt 60
ccaagccctg ccaccgcaact acgggaggcc ctaccotttc ctgctgcagc ccacggccgc 120
cgccgacgcg gacggcttgg cccctgatgt gcgctcccg gctgatgggc ccgagcgctt 180
ggcaactctca cccgaagaca agcccatccg ottgtccccc tccaagatca cagagccgct 240
gcgggaggggc ccggagggaag aaccgctggc tgagcgggag gtgaaggcag aggtggagga 300
catggacgag ggccccacag agctgccgcc tctggagtcg ccgctgccac tgcccgcgc 360
ggaagccatg gctaccccca gccctgcagg gggttgtgga ggtggcctgt tggaggccca 420
ggcgctgagt gccaccgggc agagctgcgc agagccctct gactgtccag actttgtgga 480
ggggcctgaa ccacgggtgg attccccggg ccggacagaa ccctgcaccg ccgccctgga 540
cctgggggtg cagctgacac ccgagacact ggccgaggcc aaggaggagc cgttggaggt 600
gcctgtggcg gtgcccgttg tggaggcagt gcccgaggaa ggccgtggcg aggtggcacc 660
gagcgagtcc cagcccaccc tagaaatgtc agactgtgac gtgcccgcgc gggaggggaca 720
gtgcccagagc ctggagcccc aagaggccgt gcctgtactc ggcagcacct gcttcctgga 780
agaggcaagc tctgaccagt tccctgccag tctggaggac ccactggctg gcatgagcgc 840
cctggcgcca gctgcggagc tgcccaggcc caggccctct ccctccccgg gtgctgctgg 900
agcccaggcc ttggagaagc tggaagcagc cgagagcctt gtcttggagc agagcttcct 960
gcatggcato accctgctaa gtgagatcgc agagctggag ctggagagga ggagcccacc 1020
ccaaggcctc ccaccgtgca tgggacaggg cagcccgatg ccagctggcc tacctgactg 1080
tgccaggggc cctgccccca cctctcagg atggcctaga cttggggaac agagccgggt 1140
ggggttgcag ccggagtgt ctgtcaaagg caccaggtag agagggccg gcacaggccc 1200
accctggtcc aaaccctcac actacagaaa accccaatgg tctgaaact gtcgcccgcc 1260
caogcctggc cctccccac ccaggaggga ggtggcactt cttaacctgt acagttttat 1320
tgtaccaaga gactgcccc gccctgtat cataagcctt taaatggagt caacttttta 1380
attatatata taaagataaa tatatatata tatatatata aacttttta aactgtgaaa 1440
aatagctatg aaattataaa aaaaaaacat tctgacgtgc agaataattat tttttatct 1500
ctgttagatt atagtgtcta gcaccggctt caccggcctc ccagtcacca gcacaccccc 1560
cgccaccccc gccaaagtga ctgtactcac ccccaggat agagaagtgt ttgttaggga 1620
gagaagaggg agaggcagga gccggcccaa gcccagggtc cctgcttggg ccccagaaag 1680
cacttaacca ggccccaaag cttcaaggga aaccaaggcc tcaaccagac aatcttgagg 1740
gaaggaaaag ccagactttg ggtttgtttt ttgggggaat tatitggttt tttttttat 1800
gtttcttttg gaattttgtt tgttggcaaa ttctgtgtga tottttttca taaaaaaaaa 1860
gaaaagattt aattgg                                     1876
```

<210> 23

<211> 314

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

25/175

Met Asp Glu Gly Pro Thr Glu Leu Pro Pro Leu Glu Ser Pro Leu Pro
 1 5 10 15
 Leu Pro Ala Ala Glu Ala Met Ala Thr Pro Ser Pro Ala Gly Gly Cys
 20 25 30
 Gly Gly Gly Leu Leu Glu Ala Gln Ala Leu Ser Ala Thr Gly Gln Ser
 35 40 45
 Cys Ala Glu Pro Ser Glu Cys Pro Asp Phe Val Glu Gly Pro Glu Pro
 50 55 60
 Arg Val Asp Ser Pro Gly Arg Thr Glu Pro Cys Thr Ala Ala Leu Asp
 65 70 75 80
 Leu Gly Val Gln Leu Thr Pro Glu Thr Leu Ala Glu Ala Lys Glu Glu
 85 90 95
 Pro Val Glu Val Pro Val Ala Val Pro Val Val Glu Ala Val Pro Glu
 100 105 110
 Glu Gly Leu Ala Gln Val Ala Pro Ser Glu Ser Gln Pro Thr Leu Glu
 115 120 125
 Met Ser Asp Cys Asp Val Pro Ala Gly Glu Gly Gln Cys Pro Ser Leu
 130 135 140
 Glu Pro Gln Glu Ala Val Pro Val Leu Gly Ser Thr Cys Phe Leu Glu
 145 150 155 160
 Glu Ala Ser Ser Asp Gln Phe Leu Pro Ser Leu Glu Asp Pro Leu Ala
 165 170 175
 Gly Met Ser Ala Leu Ala Ala Ala Glu Leu Pro Gln Ala Arg Pro
 180 185 190
 Leu Pro Ser Pro Gly Ala Ala Gly Ala Gln Ala Leu Glu Lys Leu Glu
 195 200 205
 Ala Ala Glu Ser Leu Val Leu Glu Gln Ser Phe Leu His Gly Ile Thr
 210 215 220
 Leu Leu Ser Glu Ile Ala Glu Leu Glu Leu Glu Arg Arg Ser Pro Pro
 225 230 235 240
 Gln Gly Leu Pro Pro Cys Met Gly Gln Gly Ser Pro Met Pro Ala Gly
 245 250 255
 Leu Pro Asp Cys Ala Arg Gly Pro Ala Pro Thr Leu Ser Gly Trp Pro
 260 265 270
 Arg Leu Gly Glu Gln Ser Arg Val Gly Leu Gln Pro Gly Val Ser Val
 275 280 285
 Lys Gly Thr Arg Trp Arg Gly Pro Gly Thr Gly Pro Pro Trp Ser Lys
 290 295 300
 Pro Ser His Tyr Arg Lys Pro Gln Trp Cys
 305 310

<210> 24

<211> 1907

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

26/175

<221> CDS

<222> (446).. (1087)

<400> 24

```

ataagggaaa aaaactccat taaaaagccc agctttcctc catgttagat gtgacttgga 60
aaatgagaaa gatttagcaa aattccaccg tgtcttttgc caggctagag acagggagag 120
cagagtaaaa ccctcaggct gctgaaattt ctaggctgtt aggaagcccc tcgaattctg 180
tgaaaatgag ggtttcttaa ctcacactga gagcggaag gggcagacco ttttcataac 240
tccctcaagt gtgtgttacc tttctttacc agcatggtaa gcaacaggac atatcccagc 300
ctcggacatg totgtatgat ccaaggatcc caaagtcaga cagagtaaac tcaagcctgg 360
cactggcttt ctgccgcttc atgtgctttg gaaaaagcag gagaagcaat agcagcagga 420
gtccccagca gotggagccg caagaatgaa ctgcaaagag ggaactgaca gcagctgogg 480
ctgcaggggc aacgcagaga agaagatgtt gaagtgtgtg gtggtggggg acggtgccgt 540
ggggaaaacc tgctgtctga tgagctacgc caacgcagcc ttcccagagg aatacgtgcc 600
cactgtgttt gaccaactatg cagtactgtt gactgtggga ggcaagcaac acttgctcgg 660
actgtatgac accgcgggac aggaggacta caaccagctg aggccactct cctaccccaa 720
cacggatgtg tttttgatct gcttctctgt cgtaaaccct gcctcttacc acaatgtcca 780
ggaggaatgg gtccccgagc tcaaggactg catgcctcac gtgccttatg tctcatagg 840
gaccagatt gatctccgtg atgacccaaa aacottggcc cgtttgctgt atatgaaaga 900
gaaacctctc acttaacgagc atggtgtgaa gctcgcaaaa gcgatcggag cacagtgtca 960
cttggaatgt tcagctctga ctcagaaagg tctcaaagcg gtttttgatg aagcaatcct 1020
caccattttc caccccaaga aaaagaagaa acgctgttct gaggttcaca gctgctgttc 1080
aattatctga ggttgtctgg gacctgcctc caccocatcc agggataga atggcagcca 1140
atctctgtgg ccaagctcca gccaaaaagg agggcacgac cagaaaaggaa ctccctttgc 1200
acggaggctt gccccatcac cctctgagcc ctoccaacac agcacactag tcagcccaact 1260
gccacgacct ccctgccagc cagaagcatc cgtactgcac gctgtctgag aatgctgggc 1320
ctggattgca gacagtgccg ctgctgatcg catcaaaaac aaagtcaaag gccatctcac 1380
attttacaac tccccagctc atgaacgtga agctgatagg aaatcacccc agggaaacccg 1440
aaaaagaaac ttgattcctc tattgtgtgc cttaactgat gtcttttata aaacttgga 1500
ctacaatact aacctttttt tctgaatctg ctgttctacc catgtgtctc acattcattt 1560
gtattatttc aagaaatgta ctaatttcca gttaactcag gccttactaa tccataccaa 1620
attagcctaa agacaaggca ttttatattc atttctattt toagcatgtt tctaccaaag 1680
ctattagaac caacacgtac ccttgaatgc cagattataa gaagacatga gaagacttta 1740
aaagtttttg aaatttacag agccatgatt ttgaaacctt attgaaagaa aaccatctga 1800
attgttgcag gtccacattt ttgccaaaga tacactctat agatgcttag tagtggcctg 1860
atttttttcc atgtattgcc acgacaaaact aaaaatgaac tgtgtttt 1907

```

<210> 25

<211> 214

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

```

Met Asn Cys Lys Glu Gly Thr Asp Ser Ser Cys Gly Cys Arg Gly Asn
  1           5           10          15
Asp Glu Lys Lys Met Leu Lys Cys Val Val Val Gly Asp Gly Ala Val
      20           25           30

```

27/175

Gly Lys Thr Cys Leu Leu Met Ser Tyr Ala Asn Asp Ala Phe Pro Glu
 35 40 45
 Glu Tyr Val Pro Thr Val Phe Asp His Tyr Ala Val Thr Val Thr Val
 50 55 60
 Gly Gly Lys Gln His Leu Leu Gly Leu Tyr Asp Thr Ala Gly Gln Glu
 65 70 75 80
 Asp Tyr Asn Gln Leu Arg Pro Leu Ser Tyr Pro Asn Thr Asp Val Phe
 85 90 95
 Leu Ile Cys Phe Ser Val Val Asn Pro Ala Ser Tyr His Asn Val Gln
 100 105 110
 Glu Glu Trp Val Pro Glu Leu Lys Asp Cys Met Pro His Val Pro Tyr
 115 120 125
 Val Leu Ile Gly Thr Gln Ile Asp Leu Arg Asp Asp Pro Lys Thr Leu
 130 135 140
 Ala Arg Leu Leu Tyr Met Lys Glu Lys Pro Leu Thr Tyr Glu His Gly
 145 150 155 160
 Val Lys Leu Ala Lys Ala Ile Gly Ala Gln Cys Tyr Leu Glu Cys Ser
 165 170 175
 Ala Leu Thr Gln Lys Gly Leu Lys Ala Val Phe Asp Glu Ala Ile Leu
 180 185 190
 Thr Ile Phe His Pro Lys Lys Lys Lys Arg Cys Ser Glu Gly His
 195 200 205
 Ser Cys Cys Ser Ile Ile
 210

<210> 26

<211> 4869

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (150).. (4082)

<400> 26

aatgatttcc tcagtgatta cgtacagagc gaggccctgc gggtagggg cccctctgg 60
 agccatcctg atggcttgg gggccttgc tccattttcc attattatgt ggactaccgg 120
 agcgacagcg cagtccaaga ccttgcagga tgtctcgccg caagcaagcg aaaccgagat 180
 cctcaaaaga cccaactgt aaactgaag acaagactga agatggagag gcactagatt 240
 gtaagaagag gccggaagac ggggaggagt tggaagacga agctgtgcac agctgtgaca 300
 gctgcctcca ggtgtttgaa tcgtgagcg atatcacaga acacaagatt aatcaatgtc 360
 aactgacaga tggagtggat gttgaagatg atccgacttg ctcttgcca gcttctcac 420
 cttctagcaa ggatcagaact tcccctagoc atggagaagg ttgcgatttt ggagaggaag 480
 aagggtggccc tgggttoca taccctgtgc aattctgtga caagtcgttt agcgcctca 540
 gotacctaaa gcaccatgag cagagtcaca gtgacaaact gccttcaaa tgcacctact 600
 gcagtaggct gttcaaacac aagcgagcc gagatcgcca cataaaactc cacaccggg 660
 acaagaagta ccactgcagt gaatgtgatg ctgcgttttc cagaagtgat cacttgaaga 720

```

tccacttaaa gactcacacg tccaacaagc catataaatg tgcatttgt cgcgtgggt 780
ttctgtcttc tagttcctta caccgacaca tgcaggttca tgagaggaac aaggacggct 840
ctcagtcagg ttccaggatg gaggactgga agatgaagga cactcagaag tgcagtcagt 900
gtgaggaagg ctttgacttc ccggaagacc tccaaaaaca cattgcagag tgccaccccg 960
aatgtctccc aaatgaggac cgagcggccc tccagtgtgt ctactgccac gagctottcg 1020
tagaggagac ctccctcatg aaccacatgg agcagggtgca tagcggggag aagaagaact 1080
catgcagcat ttgttctgag agtttccaca cagttgagga actgtacagc cacatggaca 1140
gtcaccagca accggagtca tgcaatcaca gcaacagccc ttccctggtc acggtgggt 1200
atacctcctg gtccagtacg actccagatt ccaacctctc agtggacagc tcaaccatgg 1260
tggaagctgc ccgcgaatc ccaaagagtc gaggaggaa gaggccgct caacaaacc 1320
ctgacatgac tggctccctg agtaaacaag caaaagtta ctagcagctg atttactgca 1380
acaaacaatt attttcaagt cttgcagttc tgcagattca cctgaaaact atgcacttag 1440
ataagccaga acaggcccat atttgtcagt attgcttgga ggtcctgccc tcaactctata 1500
aocataatga acatcttaag caagtgcagc aagctcagga ccaggtctg attgtttctg 1560
ccatgcctgc cattgtctac cagtgttaot tctgttcoga agttgtcaac gacctcaaca 1620
ctcttcagga acacatccga tgttctcatg gatttgcaaa cctgcagct aaagatagta 1680
atgcattctt ttgtcccatg tcttatatgg ggtttctcac tgactcttc ctggaagagc 1740
atattagaca ggttcattgt gacctcagtg gctccogatt tgggtctcca gtgcttgga 1800
ctcccaaaga accagtagta gaagtctatt cttgttccta ttgtacaaat tgcgaatat 1860
tcaacagcgt tcttaaaactg aacaagcata tcaaagagaa tcataaaac attcccttgg 1920
ccctgaatta tatccacaat gggaagaaat ccagggcctt aagcccccta tctcctgtgg 1980
ccatagagca gacatctctt aagatgatgc aggcagtagg aggtgcacct gcacgcccc 2040
ctggagaata tatctgtaat caatgtggtg ctaagtacac atccctagac agctttcaga 2100
ctcacctaaa aactcatctc gacactgtgc ttccaaaatt gacctgtcct cagtgcacaa 2160
aggaattccc caaccaagaa tcttctgctg agcatgttac cattcacttt atgatcaatt 2220
caacgtatta catctgtgag agttgtgaca agcaattcac atcagtggat gaccttcaga 2280
aacacctgct ggacatgcac acctttgtct tcttctgctg caccctctgc caggaaagtt 2340
ttgactcaaa agtctccatt cagctccact tggctgtgaa gcacagtaac gaaaagaaag 2400
tctatagggt cacatcttgc aactgggaot tccgcaacga aactgaactg cagctccatg 2460
tgaaacacaa ccacctggaa aaccaaggga aagtgcataa gtgcattttc tgcggtgagt 2520
cctttggcac cgaggtggag ctgcaatgcc acatcaccac tcacagtaag aagtacaact 2580
goaagttctg tagcaaaagc ttccatgoga tcattttgtt agaaaaacac ttgcgagaaa 2640
aacactgtgt attcgaacc aagacaccca actgtggaac aaatggagct tccgagcaag 2700
tgcagaaaga ggaagtggag ctgcagactt tgcagacaa cagccaggag tcccacaaca 2760
gtcacgatgg gagcgaagaa gacgttgaca cctotgagcc tatgtacggc tgcgacattt 2820
gtggggcagc ctacactatg gaaactttgc tgcagaatca ccagctccga gaccacaaca 2880
tcagacctgg agaaagtgcc atcgtgaaaa agaaagctga gctcattaaa ggaattaca 2940
agtgcacagt gtgctcttga accttcttct ccgaaaatgg cctccgggaa catatgcaga 3000
cccacctagg cctgtcaaaa cactacatgt gccctatttg cggagagcgg ttccctccc 3060
ttttaactct tactgaacac aaagtcacgc atagtaagag tcttgatact ggaactgcc 3120
ggatttgcaa gatgcctctc cagagtgaag aggagtttt agagcattgc caaatgcacc 3180
ctgacttgag gaattccctg acaggctttc gctgctgtgt gtgcagcag acagtacct 3240
ccaccttgga actcaaaatc catgggacgt tccacatgca aaagacaggg aatgggtctg 3300
cagttcagac cacagggcgg ggccagcagc tccaaaaact gtataagtgc gcatcttgc 3360
tcaaagaatt ccgttccaag caagatctgg tgaacttga tatcaatggc ctgccatag 3420
gtctgtgtgc cggctgcgtg aatctcagta agagcgccag ccagggcatt aacgtccctc 3480
ccggcacgaa tagaccaggc ttgggcagaa atgagaatct gagtgcatt gaggggaaag 3540
gcaaggtggg gggactgaag acacgtgct ctgctgcaa cgttaagttt gagtctgaaa 3600

```

29/175

```

gtgaactcca gaaccacatc caaaccatcc accgagagct cgtgccagac agcaacagca 3660
cacagttgaa aacgcccaca gtatcaccaa tgcccagaat cagtccttcc cagtcggatg 3720
agaagaagac ctatcaatgc atcaagtgtc agatggtttt ctacaatgaa tgggatattc 3780
aggttcatgt tgcaaatcac atgattgatg aaggactgaa ccatgaatgc aaactctgca 3840
gccagacctt tgactctcct gccaaactcc agtgccacct gatagagcac agcttcgaag 3900
ggatggggagg caccttcaag tgtccagtct gctttacagt atttgttcaa gcaaacaaagt 3960
tgcagcagca tattttctct gcccatggac aagaagacaa gatctatgac tgtacacaat 4020
gtccacagaa gttttcttcc caaacagagc tgcagaatca tacaatgacc caacacagca 4080
gttagtgcaa gtacagtctc tcaaggagaa ttgattttgt ggcacaaaaa gggaacatgt 4140
tttaactctt gcaagaaact ttcatgttta atgtatatta ttcagaaaca ttgtattgta 4200
ccataaaact tgtattatca aactgttgga tgttcatgtg ttggaacttt tgogcaccgg 4260
atagaccctt tgtatataaa gtgttgacac tgtattatgt cgtctgatac taaaatggtc 4320
ttataaagac aagtggactt gggccctatt caggcaagat taaaaaaaaa aaagactatg 4380
acaaaaatgg ctttaagataa agtattttta aggaagaaag attaaaaaca actgtttatac 4440
atgagactat ggttggactt cttttctttt acacttaagc ctagaatttc tcttttaggta 4500
tatcagcgct taaatccaag actatttttt attgotgaag attcttgcaa accatgaaga 4560
gatgtttctc cagaacagaa ccccacagct ggataaggcc cgtatatata tatttgtaag 4620
ccttgcaatg tgacaggtag catcactata tatgcaatag ttgttatgta gactgtcaaa 4680
gaattttttt ttccctggat acatttgaag ctttgagtgt tcaaggtttt ccttaatgat 4740
ttcacgcagc caaattcttg aatcagttga actaacctgt atgttactgt tattaatgtt 4800
tactctgcag tctgaacctg gagattactg gaattgtttt ccaagaggaa ataaattcag 4860
tttaccatt

```

<210> 27

<211> 1311

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

```

Met Ser Arg Arg Lys Gln Ala Lys Pro Arg Ser Leu Lys Asp Pro Asn
 1           5           10          15
Cys Lys Leu Glu Asp Lys Thr Glu Asp Gly Glu Ala Leu Asp Cys Lys
 20          25          30
Lys Arg Pro Glu Asp Gly Glu Glu Leu Glu Asp Glu Ala Val His Ser
 35          40          45
Cys Asp Ser Cys Leu Gln Val Phe Glu Ser Leu Ser Asp Ile Thr Glu
 50          55          60
His Lys Ile Asn Gln Cys Gln Leu Thr Asp Gly Val Asp Val Glu Asp
 65          70          75          80
Asp Pro Thr Cys Ser Trp Pro Ala Ser Ser Pro Ser Ser Lys Asp Gln
 85          90          95
Thr Ser Pro Ser His Gly Glu Gly Cys Asp Phe Gly Glu Glu Glu Gly
100         105         110
Gly Pro Gly Leu Pro Tyr Pro Cys Gln Phe Cys Asp Lys Ser Phe Ser
115         120         125
Arg Leu Ser Tyr Leu Lys His His Glu Gln Ser His Ser Asp Lys Leu
130         135         140

```


30/175

Pro Phe Lys Cys Thr Tyr Cys Ser Arg Leu Phe Lys His Lys Arg Ser
 145 150 155 160
 Arg Asp Arg His Ile Lys Leu His Thr Gly Asp Lys Lys Tyr His Cys
 165 170 175
 Ser Glu Cys Asp Ala Ala Phe Ser Arg Ser Asp His Leu Lys Ile His
 180 185 190
 Leu Lys Thr His Thr Ser Asn Lys Pro Tyr Lys Cys Ala Ile Cys Arg
 195 200 205
 Arg Gly Phe Leu Ser Ser Ser Ser Leu His Gly His Met Gln Val His
 210 215 220
 Glu Arg Asn Lys Asp Gly Ser Gln Ser Gly Ser Arg Met Glu Asp Trp
 225 230 235 240
 Lys Met Lys Asp Thr Gln Lys Cys Ser Gln Cys Glu Glu Gly Phe Asp
 245 250 255
 Phe Pro Glu Asp Leu Gln Lys His Ile Ala Glu Cys His Pro Glu Cys
 260 265 270
 Ser Pro Asn Glu Asp Arg Ala Ala Leu Gln Cys Val Tyr Cys His Glu
 275 280 285
 Leu Phe Val Glu Glu Thr Ser Leu Met Asn His Met Glu Gln Val His
 290 295 300
 Ser Gly Glu Lys Lys Asn Ser Cys Ser Ile Cys Ser Glu Ser Phe His
 305 310 315 320
 Thr Val Glu Glu Leu Tyr Ser His Met Asp Ser His Gln Gln Pro Glu
 325 330 335
 Ser Cys Asn His Ser Asn Ser Pro Ser Leu Val Thr Val Gly Tyr Thr
 340 345 350
 Ser Val Ser Ser Thr Thr Pro Asp Ser Asn Leu Ser Val Asp Ser Ser
 355 360 365
 Thr Met Val Glu Ala Ala Pro Pro Ile Pro Lys Ser Arg Gly Arg Lys
 370 375 380
 Arg Ala Ala Gln Gln Thr Pro Asp Met Thr Gly Pro Ser Ser Lys Gln
 385 390 395 400
 Ala Lys Val Thr Tyr Ser Cys Ile Tyr Cys Asn Lys Gln Leu Phe Ser
 405 410 415
 Ser Leu Ala Val Leu Gln Ile His Leu Lys Thr Met His Leu Asp Lys
 420 425 430
 Pro Glu Gln Ala His Ile Cys Gln Tyr Cys Leu Glu Val Leu Pro Ser
 435 440 445
 Leu Tyr Asn Leu Asn Glu His Leu Lys Gln Val His Glu Ala Gln Asp
 450 455 460
 Pro Gly Leu Ile Val Ser Ala Met Pro Ala Ile Val Tyr Gln Cys Asn
 465 470 475 480
 Phe Cys Ser Glu Val Val Asn Asp Leu Asn Thr Leu Gln Glu His Ile
 485 490 495
 Arg Cys Ser His Gly Phe Ala Asn Pro Ala Ala Lys Asp Ser Asn Ala
 500 505 510
 Phe Phe Cys Pro His Cys Tyr Met Gly Phe Leu Thr Asp Ser Ser Leu
 515 520 525

31/175

Glu	Glu	His	Ile	Arg	Gln	Val	His	Cys	Asp	Leu	Ser	Gly	Ser	Arg	Phe
530						535					540				
Gly	Ser	Pro	Val	Leu	Gly	Thr	Pro	Lys	Glu	Pro	Val	Val	Glu	Val	Tyr
545					550					555					560
Ser	Cys	Ser	Tyr	Cys	Thr	Asn	Ser	Pro	Ile	Phe	Asn	Ser	Val	Leu	Lys
				565					570					575	
Leu	Asn	Lys	His	Ile	Lys	Glu	Asn	His	Lys	Asn	Ile	Pro	Leu	Ala	Leu
			580					585					590		
Asn	Tyr	Ile	His	Asn	Gly	Lys	Lys	Ser	Arg	Ala	Leu	Ser	Pro	Leu	Ser
		595					600					605			
Pro	Val	Ala	Ile	Glu	Gln	Thr	Ser	Leu	Lys	Met	Met	Gln	Ala	Val	Gly
610					615						620				
Gly	Ala	Pro	Ala	Arg	Pro	Thr	Gly	Glu	Tyr	Ile	Cys	Asn	Gln	Cys	Gly
625					630					635					640
Ala	Lys	Tyr	Thr	Ser	Leu	Asp	Ser	Phe	Gln	Thr	His	Leu	Lys	Thr	His
				645					650					655	
Leu	Asp	Thr	Val	Leu	Pro	Lys	Leu	Thr	Cys	Pro	Gln	Cys	Asn	Lys	Glu
			660					665					670		
Phe	Pro	Asn	Gln	Glu	Ser	Leu	Leu	Lys	His	Val	Thr	Ile	His	Phe	Met
		675					680					685			
Ile	Thr	Ser	Thr	Tyr	Tyr	Ile	Cys	Glu	Ser	Cys	Asp	Lys	Gln	Phe	Thr
690					695						700				
Ser	Val	Asp	Asp	Leu	Gln	Lys	His	Leu	Leu	Asp	Met	His	Thr	Phe	Val
705					710					715					720
Phe	Phe	Arg	Cys	Thr	Leu	Cys	Gln	Glu	Val	Phe	Asp	Ser	Lys	Val	Ser
				725					730					735	
Ile	Gln	Leu	His	Leu	Ala	Val	Lys	His	Ser	Asn	Glu	Lys	Lys	Val	Tyr
			740					745					750		
Arg	Cys	Thr	Ser	Cys	Asn	Trp	Asp	Phe	Arg	Asn	Glu	Thr	Asp	Leu	Gln
		755					760					765			
Leu	His	Val	Lys	His	Asn	His	Leu	Glu	Asn	Gln	Gly	Lys	Val	His	Lys
770					775						780				
Cys	Ile	Phe	Cys	Gly	Glu	Ser	Phe	Gly	Thr	Glu	Val	Glu	Leu	Gln	Cys
785					790					795					800
His	Ile	Thr	Thr	His	Ser	Lys	Lys	Tyr	Asn	Cys	Lys	Phe	Cys	Ser	Lys
				805					810					815	
Ala	Phe	His	Ala	Ile	Ile	Leu	Leu	Glu	Lys	His	Leu	Arg	Glu	Lys	His
			820					825					830		
Cys	Val	Phe	Glu	Thr	Lys	Thr	Pro	Asn	Cys	Gly	Thr	Asn	Gly	Ala	Ser
		835					840					845			
Glu	Gln	Val	Gln	Lys	Glu	Glu	Val	Glu	Leu	Gln	Thr	Leu	Leu	Thr	Asn
850						855					860				
Ser	Gln	Glu	Ser	His	Asn	Ser	His	Asp	Gly	Ser	Glu	Glu	Asp	Val	Asp
865					870					875					880
Thr	Ser	Glu	Pro	Met	Tyr	Gly	Cys	Asp	Ile	Cys	Gly	Ala	Ala	Tyr	Thr
				885					890					895	
Met	Glu	Thr	Leu	Leu	Gln	Asn	His	Gln	Leu	Arg	Asp	His	Asn	Ile	Arg
			900					905						910	

32/175

Pro Gly Glu Ser Ala Ile Val Lys Lys Lys Ala Glu Leu Ile Lys Gly
 915 920 925
 Asn Tyr Lys Cys Asn Val Cys Ser Arg Thr Phe Phe Ser Glu Asn Gly
 930 935 940
 Leu Arg Glu His Met Gln Thr His Leu Gly Pro Val Lys His Tyr Met
 945 950 955 960
 Cys Pro Ile Cys Gly Glu Arg Phe Pro Ser Leu Leu Thr Leu Thr Glu
 965 970 975
 His Lys Val Thr His Ser Lys Ser Leu Asp Thr Gly Asn Cys Arg Ile
 980 985 990
 Cys Lys Met Pro Leu Gln Ser Glu Glu Phe Leu Glu His Cys Gln
 995 1000 1005
 Met His Pro Asp Leu Arg Asn Ser Leu Thr Gly Phe Arg Cys Val Val
 1010 1015 1020
 Cys Met Gln Thr Val Thr Ser Thr Leu Glu Leu Lys Ile His Gly Thr
 1025 1030 1035 1040
 Phe His Met Gln Lys Thr Gly Asn Gly Ser Ala Val Gln Thr Thr Gly
 1045 1050 1055
 Arg Gly Gln His Val Gln Lys Leu Tyr Lys Cys Ala Ser Cys Leu Lys
 1060 1065 1070
 Glu Phe Arg Ser Lys Gln Asp Leu Val Lys Leu Asp Ile Asn Gly Leu
 1075 1080 1085
 Pro Tyr Gly Leu Cys Ala Gly Cys Val Asn Leu Ser Lys Ser Ala Ser
 1090 1095 1100
 Pro Gly Ile Asn Val Pro Pro Gly Thr Asn Arg Pro Gly Leu Gly Gln
 1105 1110 1115 1120
 Asn Glu Asn Leu Ser Ala Ile Glu Gly Lys Gly Lys Val Gly Gly Leu
 1125 1130 1135
 Lys Thr Arg Cys Ser Ser Cys Asn Val Lys Phe Glu Ser Glu Ser Glu
 1140 1145 1150
 Leu Gln Asn His Ile Gln Thr Ile His Arg Glu Leu Val Pro Asp Ser
 1155 1160 1165
 Asn Ser Thr Gln Leu Lys Thr Pro Gln Val Ser Pro Met Pro Arg Ile
 1170 1175 1180
 Ser Pro Ser Gln Ser Asp Glu Lys Lys Thr Tyr Gln Cys Ile Lys Cys
 1185 1190 1195 1200
 Gln Met Val Phe Tyr Asn Glu Trp Asp Ile Gln Val His Val Ala Asn
 1205 1210 1215
 His Met Ile Asp Glu Gly Leu Asn His Glu Cys Lys Leu Cys Ser Gln
 1220 1225 1230
 Thr Phe Asp Ser Pro Ala Lys Leu Gln Cys His Leu Ile Glu His Ser
 1235 1240 1245
 Phe Glu Gly Met Gly Gly Thr Phe Lys Cys Pro Val Cys Phe Thr Val
 1250 1255 1260
 Phe Val Gln Ala Asn Lys Leu Gln Gln His Ile Phe Ser Ala His Gly
 1265 1270 1275 1280
 Gln Glu Asp Lys Ile Tyr Asp Cys Thr Gln Cys Pro Gln Lys Phe Phe
 1285 1290 1295

33/175

Phe Gln Thr Glu Leu Gln Asn His Thr Met Thr Gln His Ser Ser
 1300 1305 1310

<210> 28
 <211> 1988
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (160).. (876)

<400> 28
 gtttccgctg gcggcggcgg cgggcggcgg gcccggagcgc gaggagagcg gagaccccca 60
 ggtcttgccg gcggcgaata tcctggaacc ttcttttgtt tgccagcagc caagggtgtt 120
 ccaggaagtt cagagagaac agaatttaag aagtgaaca tggccagggg ctgcctctgc 180
 tgottgaagt acatgatgtt cctcttcaat ttgatattct ggctctgtgg ctgtgggctg 240
 ctgggagtg gcatctggct ctccgtgtcc caaggcaact ttgccacctt ctccccagc 300
 ttcccttcgt tgtctgcagc caacctggtc attgccatag gcaccattgt catggtgacg 360
 ggcttccctg gctgcctggg ggccatcaag gaaaaacaagt gcctcctcct cagcttttct 420
 atcgtcctgt tggatcatct cctagcagag ctgatctiac tcatcctctt ctttgtctac 480
 atggacaagg tgaacgagaa cgccaagaag gacctgaagg aaggcctgt gctgtaccac 540
 accgagaaca acgtggggct gaagaacgac tggaaacatca tccaggctga gatgogatgc 600
 tgtggtgtca ctgactacac agactggtac ccagtgtgtg gggagaacac ggttcccgac 660
 cgctgtctga tggagaactc ccagggtctg gggcgcaacg ccaccacgct tttgtggaga 720
 acgggctgct atgaaaaggt gaagatgtgg ttcatgaca ataagcacgt gctgggcacg 780
 gtggggatgt gcatcctcat catgcagatc ctgggcatgg ccttctccat gacctcttc 840
 cagcacatcc accggactgg taagaagtag gacgcagag cgggctggcc gggagtgcgc 900
 accccgccct gctgccctgt ggagggaaga ggattgagct ttgtgtcacc tgctgcgct 960
 ctccagatat gaacctgca cccacccccc acagcctgcc ctacccacc tacctgctt 1020
 cagcctcaga cttctcagtg ggtggagtg caggaggag gaggcacac gagacctggg 1080
 gctcggggcc cctggattcc tgcactctga tgtgcgtatt tgccaaagac gacagggtgg 1140
 gotggggtgc gctccggagg aaccccggc actgttgggc ttotgcccct gcccttctc 1200
 acactgacac tttgtcccca catggggtgg ggagcagagt gcccgcccgc tggagatacc 1260
 gcccagcgg gggctgcgac atctatggcc accatggggc acctggcggg gcgggggtct 1320
 gccggcctct gggcaaggcc cctggagcat ctgcccagg ctttttatac cttacaatgt 1380
 aactttttta ttttatttta ctctatgatt attcaggaat attatctctc agataagttt 1440
 agggttagat ttctgatttg taacttttta ctgtgttgat ttctttaatg gtttgacttt 1500
 ttttccctga gggtgaggga tgggtgggaa gagaggacat ctgtcccctc ctctccagcc 1560
 cctgccacc cactggtgga ggtgctaact agcaggagc tggcatagga tgggagctgg 1620
 gogtgaggtg ctgggggtcc attctttgtc cctcagcttc tcagagtcgc gccagccctt 1680
 gtgttccctg gcccacact ttctcctcc ccactgcagt gagtcaatag tccagggtgg 1740
 ggcttgccct ccctgccctg attggggact caggaggtga ggctggggg gcttctctgc 1800
 cctccttgc ccacctgctt gcccggggc agcacgggag ggagagcagg gtgagcacgc 1860
 ttgttggttt cagatgcaat ttctgcttgc attgcccgt ctgtgcgttc cttcatcctg 1920
 gtcttggttt tatggaacac catgttttta gcattgtttt aaataaaaac ggataaagtg 1980
 tcaaaagc 1988

34/175

<210> 29
 <211> 239
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 29
 Met Ala Arg Gly Cys Leu Cys Cys Leu Lys Tyr Met Met Phe Leu Phe
 1 5 10 15
 Asn Leu Ile Phe Trp Leu Cys Gly Cys Gly Leu Leu Gly Val Gly Ile
 20 25 30
 Trp Leu Ser Val Ser Gln Gly Asn Phe Ala Thr Phe Ser Pro Ser Phe
 35 40 45
 Pro Ser Leu Ser Ala Ala Asn Leu Val Ile Ala Ile Gly Thr Ile Val
 50 55 60
 Met Val Thr Gly Phe Leu Gly Cys Leu Gly Ala Ile Lys Glu Asn Lys
 65 70 75 80
 Cys Leu Leu Leu Ser Phe Phe Ile Val Leu Val Ile Leu Leu Ala
 85 90 95
 Glu Leu Ile Leu Leu Ile Leu Phe Phe Val Tyr Met Asp Lys Val Asn
 100 105 110
 Glu Asn Ala Lys Lys Asp Leu Lys Glu Gly Leu Leu Leu Tyr His Thr
 115 120 125
 Glu Asn Asn Val Gly Leu Lys Asn Ala Trp Asn Ile Ile Gln Ala Glu
 130 135 140
 Met Arg Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Thr Asp Trp Tyr Pro Val Leu
 145 150 155 160
 Gly Glu Asn Thr Val Pro Asp Arg Cys Cys Met Glu Asn Ser Gln Gly
 165 170 175
 Cys Gly Arg Asn Ala Thr Thr Pro Leu Trp Arg Thr Gly Cys Tyr Glu
 180 185 190
 Lys Val Lys Met Trp Phe Asp Asp Asn Lys His Val Leu Gly Thr Val
 195 200 205
 Gly Met Cys Ile Leu Ile Met Gln Ile Leu Gly Met Ala Phe Ser Met
 210 215 220
 Thr Leu Phe Gln His Ile His Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asp Ala
 225 230 235

<210> 30
 <211> 1900
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (128).. (1195)

35/175.

<400> 30

```

tatattccgt gggagtgaca ttaaagacct tactgtttgt gagccaccaa aaccacagt 60
ttctttgcct caagaccag ctattgttca gtccctcacta ggctcatcga cttottcatt 120
ccagtcocatg ggttcttatg gacctttcgg caggatgccc acatacagtc agttcagtc 180
gagttcctta gttgggcagc agttttgtgc tgttgggtgt gctggaagct ctttgacatc 240
ctttggaaca gaaacatcaa acagtgttac cttaccccaa agtagtgagg ttggttctgc 300
ctttacacag gatacaagat ctctaaaaac acagttatct caaggctcgt caagccctca 360
gtagaccct ttgagaaaaa gcccacccat ggaacaagca gtgcagaccg cctcagccca 420
cttaacctgt ccagcagctg ttgggagaag gactcctgta tcaaaccagg ctttgccatc 480
tgccagccaa aaggcaggag agaatcagga gcacaggcga gctgaagtac acaaagtttc 540
aaggccagaa aatgagcaac tcagaaatga taacaagaga caagtagctc cagggtgtcc 600
ttcagctcca aggagagggo gtgggggtca tgggggtggc aggggaagat ttggtattcg 660
gcgagatggg ccaatgaaat ttgagaaaga ctttgacttt gaaagtgcga atgcacaatt 720
caacaaggaa gagattgaca gagagtttca taataaactt aaattaaaag aagataaact 780
tgagaaacag gagaagcctg taaatgggtg agataaagga gactcaggag ttgataccca 840
aaacagttaa ggaaatgcg atgaagaaga tccacttgga cctaattgct attatgacaa 900
aactaaatcc ttctttgata atatttcttg tgatgacaat agagaacgga gaccaacctg 960
ggctgaagaa agaagattaa atgctgaaac atttggaaac ccacttcgtc caaaccgtgg 1020
ccgtggggga tacagaggca gaggaggctt tggtttccgt ggtggcagag ggctgtgttg 1080
tgccagaggt ggtaccttca ctgcccctcg aggatctcgc ggtggattca gaggaggctg 1140
tgggggccgg gagtttgcgg attttgaata taggaaagac aacaaagttg ctgcatactc 1200
tacaacaacg tctctgaaa taggtgaatt tctagctctt catggtcctg aacattgatt 1260
tcagtctttg caaagaatga agaagtgaat tcgctgtaca ttgtccacca gcactgggtt 1320
tttgtttttt gtttgtttt ccgttaatt tcaaagataa aatgcagtta cttttggggg 1380
tggaaggctc atcttaaaac atgagcatta aatatattg gaatagcaga aggttaagta 1440
atttattatg tatagttaaa cttaaagcag acttcagttg gacttaacaa gtattttttc 1500
atcactgaaa ggtttttttt ttttatcact aaattgtatt tggcaattgc aagttgcctg 1560
cagatagggc cgtgatactg tgttttgagc cacagaaggt tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg 1620
tgtgtgtgtg tgtgtgtgta tgtgtgtgtc ttttctctcc ttcttttttg ggaatcctgt 1680
aatatgaggt agcttatttc gtcaattaat taggtgtgtg gatggtagag aattttgtca 1740
gtcaactatg tacacacagt aaatactgtt ttttaggcaa aggttaactt ttatatagt 1800
tgtaaaaatc catttatatt cattgccaaa gaaacattaa gaactttgta tagctgtata 1860
aaaagcaact aattttttta agaataaaca ttttaaagtc 1900

```

<210> 31

<211> 356

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 31

```

Met Gly Ser Tyr Gly Pro Phe Gly Arg Met Pro Thr Tyr Ser Gln Phe
 1           5           10           15
Ser Pro Ser Ser Leu Val Gly Gln Gln Phe Gly Ala Val Gly Val Ala
      20           25           30
Gly Ser Ser Leu Thr Ser Phe Gly Thr Glu Thr Ser Asn Ser Gly Thr
      35           40           45

```

36/175

Leu Pro Gln Ser Ser Ala Val Gly Ser Ala Phe Thr Gln Asp Thr Arg
 50 55 60
 Ser Leu Lys Thr Gln Leu Ser Gln Gly Arg Ser Ser Pro Gln Leu Asp
 65 70 75 80
 Pro Leu Arg Lys Ser Pro Thr Met Glu Gln Ala Val Gln Thr Ala Ser
 85 90 95
 Ala His Leu Pro Ala Pro Ala Ala Val Gly Arg Arg Ser Pro Val Ser
 100 105 110
 Thr Arg Pro Leu Pro Ser Ala Ser Gln Lys Ala Gly Glu Asn Gln Glu
 115 120 125
 His Arg Arg Ala Glu Val His Lys Val Ser Arg Pro Glu Asn Glu Gln
 130 135 140
 Leu Arg Asn Asp Asn Lys Arg Gln Val Ala Pro Gly Ala Pro Ser Ala
 145 150 155 160
 Pro Arg Arg Gly Arg Gly Gly His Arg Gly Gly Arg Gly Arg Phe Gly
 165 170 175
 Ile Arg Arg Asp Gly Pro Met Lys Phe Glu Lys Asp Phe Asp Phe Glu
 180 185 190
 Ser Ala Asn Ala Gln Phe Asn Lys Glu Glu Ile Asp Arg Glu Phe His
 195 200 205
 Asn Lys Leu Lys Leu Lys Glu Asp Lys Leu Glu Lys Gln Glu Lys Pro
 210 215 220
 Val Asn Gly Glu Asp Lys Gly Asp Ser Gly Val Asp Thr Gln Asn Ser
 225 230 235 240
 Glu Gly Asn Ala Asp Glu Glu Asp Pro Leu Gly Pro Asn Cys Tyr Tyr
 245 250 255
 Asp Lys Thr Lys Ser Phe Phe Asp Asn Ile Ser Cys Asp Asp Asn Arg
 260 265 270
 Glu Arg Arg Pro Thr Trp Ala Glu Glu Arg Arg Leu Asn Ala Glu Thr
 275 280 285
 Phe Gly Ile Pro Leu Arg Pro Asn Arg Gly Arg Gly Gly Tyr Arg Gly
 290 295 300
 Arg Gly Gly Leu Gly Phe Arg Gly Gly Arg Gly Arg Gly Gly Arg
 305 310 315 320
 Gly Gly Thr Phe Thr Ala Pro Arg Gly Phe Arg Gly Gly Phe Arg Gly
 325 330 335
 Gly Arg Gly Gly Arg Glu Phe Ala Asp Phe Glu Tyr Arg Lys Asp Asn
 340 345 350
 Lys Val Ala Ala
 355

<210> 32

<211> 1877

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

37/175

<221> CDS

<222> (127).. (840)

<400> 32

```

agcaccacca gggcagccg cgggagccgc gcccgcagcg gggacgggga gccccgggg 60
gccccggccac gcccgcgctc gcccgtcacc taccgggact ggatcggcca gagttactcc 120
gaggatgatga gcctcaacga gcactccatg caggcgctgt cctggcgcaa gctctacttg 180
agccgcgcca agcttaaagc ctccagccgg acctcggtc tgctctocgg ctccgccatg 240
gtggcaatgg tggagggtgca gctggacgct gaccacgact acccaccggg gctgctcctc 300
gccttcagtg cctgcaaccac agtgctgggtg gctgtgcacc tgtttgogct catgatcagc 360
acctgcaccc tgcccaacat cgaggcggtg agcaacgtgc acaatctcaa ctccgtcaag 420
gagtcacccc atgagcgcat gcaccggccac atcgagctgg cctgggcctt ctccaccgtc 480
atcggcacgc tgctcttctt agctgagggtg gtgctgctct gctgggtcaa gttcttgccc 540
ctcaagaagc agccaggcca gccaaaggccc accagcaagc ccccgccggg tggcgagca 600
gccaacgtca gcaccagcgg catcaccccg ggccaggcag ccgcatcgc ctccaccacc 660
atcatggtgc ccttcggcct gatctttatc gtcttcgct tccacttcta ccgctcactg 720
gtcagccata agaccgaccg acagttccag gagctcaacg agctggcgga gtttgccgcg 780
ttacaggacc agctggacca cagaggggac caccocctga gcccggcgag ccactatgcc 840
taggcccattg tggcttgggc ccttcagtg ctttggcctt acccccttcc ccatgacctt 900
gtcctgcccc agcctcacgg acagcctgtg cagggggctg ggcttcagca aggggcagag 960
cgtggaggga agaggatttt tataagagaa atttctgcac ttgaaactg tcctctaaga 1020
gaataagcat ttctgttct cccagctcca ggtccacctc ctgctgggag gcgggtgggg 1080
gccaaagtgg ggccacacac tcgtgtgtgc cctctctc cctgtgcca gtgccacctg 1140
ggtgcctcct cctgtcctgt ccgtctcaac ctccctcccg tccagcattg agtgtgtaca 1200
tgtgtgtgtg acacataaat ataactataa ggacacctcc ttcccggtgc ttgtatttgt 1260
tgggcctggg ctactgtcca ccttggttag gtgagcctct aggaaaaact aaaaagcatt 1320
ttaagccagg tatggtggca catacctgtg gtctcagcta ttcaggaggc caaggcagga 1380
ggatctcttg agcccaggag tttgagacco catctcaaac aaaaaataca aaaattagcc 1440
agccacgggg cctgcaactc cagctccttt gagagactga ggcaggaaga ttgcctaagc 1500
ccaggaggcc aagtctgcag tgagctatgg taacaccact gcactccaac ctgggcaaca 1560
gagggagact ctgtctctaa aaaaatagaa aaatttgccc tgcattgttg ctacgcctg 1620
taatcctagc cctttggaag gccaaaggcg gcagatcaact tgaggtcggg agttcgagac 1680
cagcctgacc aacatggaga aaccccatct gtactaaaaa tacaaaatta gctgggtttg 1740
gtggcgcatg cttgtaatcc cagctactcg ggaggctgag gcaggagaat cgcttgaacc 1800
caggaggcgg aggttgcaat gagctgagat cgcgccattg cactccagcc tgggcaacaa 1860
cagtgaact cgtctc 1877

```

<210> 33

<211> 238

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

```

Met Ser Leu Asn Glu His Ser Met Gln Ala Leu Ser Trp Arg Lys Leu
1          5          10          15
Tyr Leu Ser Arg Ala Lys Leu Lys Ala Ser Ser Arg Thr Ser Ala Leu
20          25          30

```


38/175

Leu Ser Gly Phe Ala Met Val Ala Met Val Glu Val Gln Leu Asp Ala
 35 40 45
 Asp His Asp Tyr Pro Pro Gly Leu Leu Ile Ala Phe Ser Ala Cys Thr
 50 55 60
 Thr Val Leu Val Ala Val His Leu Phe Ala Leu Met Ile Ser Thr Cys
 65 70 75 80
 Ile Leu Pro Asn Ile Glu Ala Val Ser Asn Val His Asn Leu Asn Ser
 85 90 95
 Val Lys Glu Ser Pro His Glu Arg Met His Arg His Ile Glu Leu Ala
 100 105 110
 Trp Ala Phe Ser Thr Val Ile Gly Thr Leu Leu Phe Leu Ala Glu Val
 115 120 125
 Val Leu Leu Cys Trp Val Lys Phe Leu Pro Leu Lys Lys Gln Pro Gly
 130 135 140
 Gln Pro Arg Pro Thr Ser Lys Pro Pro Ala Gly Gly Ala Ala Ala Asn
 145 150 155 160
 Val Ser Thr Ser Gly Ile Thr Pro Gly Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ser
 165 170 175
 Thr Thr Ile Met Val Pro Phe Gly Leu Ile Phe Ile Val Phe Ala Phe
 180 185 190
 His Phe Tyr Arg Ser Leu Val Ser His Lys Thr Asp Arg Gln Phe Gln
 195 200 205
 Glu Leu Asn Glu Leu Ala Glu Phe Ala Arg Leu Gln Asp Gln Leu Asp
 210 215 220
 His Arg Gly Asp His Pro Leu Thr Pro Gly Ser His Tyr Ala
 225 230 235

<210> 34
 <211> 2598
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (24).. (1064)

<400> 34
 agaagcaaaa gagcagagct accatgtcct ctgggagcag acagcgacca aaaagcccag 60
 ggggcattca accccatgtt tctagaactc tgttctgtct gctgctgttg gcagcctcag 120
 cctggggggt caccctgagc cccaaagact gccagggtgt ccgctcagac catggcagct 180
 ccatctcctg tcaaccacct gccgaaatcc coggotacct gccagccgac accgtgcacc 240
 tggccgtgga attcttcaac ctgaccaccc tgccagccaa cctcctccag ggccgctcta 300
 agctccaaga attgcacctc tccagcaatg ggctggaaag cctctcgccc gaattcctgc 360
 ggccagtgcc gcagctgagg gtgtggatc taaccgaaa cgcctgacc gggctgcct 420
 cgggcctctt ccaggcctca gccaccctgg acaccctggt attgaaagaa aaccagctgg 480
 aggtcctgga ggtctgtggt ctacacggcc tgaaagctct ggggcatctg gacctgtctg 540
 ggaaccgct cgggaaactg cccccgggc tgctggccaa ctccaccctc ctgcgcaccc 600

39/175

```

ttgaccttgg ggagaaccag ttggagacct tgccaacctga cctcctgagg ggtccgctgc 660
aattagaacg gctacatcta gaaggcaaca aattgcaagt actgggaaaa gatctcctct 720
tgccgcagcc ggacctgcgc tacctcttcc tgaacggcaa caagctggcc aggggtggcag 780
ccggtgcctt ccagggcctg cggcagctgg acatgctgga cctctccaat aactcactgg 840
ccagcgtgcc cgaggggctc tgggcatccc tagggcagcc aaactgggac atcggggatg 900
gcttcgacat ctccggcaac ccctggatct gtgaccagaa cctgagcgac ctctatcgtt 960
ggcttcaggc ccaaaaaagac aagatgtttt cccagaatga cagcgctgt gctgggcctg 1020
aagccgtgaa gggccagacg ctccctggcag tggccaagtc ccagtggagc caggggcttg 1080
ggttgagggt ggggggtctg gtagaacact gcaaccgcct taacaaataa tcctgccttt 1140
ggccgggtgc gggggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccca ggtggggcga 1200
tcacgaggto aggagatcga gacctcttg gctaaccatg tgaaaccctg tctctactaa 1260
aaatataaaa aattagccag gcgtggtgtt gggcacctgt agtcccagca actcgggagg 1320
ctgaggcagg agaatggcgt gaacttggga ggcggagctt gcggtgagcc aagatcgtgc 1380
cactgcactc tagcctgggc gacagagcaa gactgtotca aaaaaattaa aattaaaatt 1440
aaaaacaaat aatctgcct tttacagggt aaactcgggg ctgtccatag cggctgggac 1500
cccgtttcat ccatccatgc ttcctagaac acacgatggg ctctccttac ccatgccccaa 1560
ggtgtgccc cgtctggaa tgccgttccc tgtttccag atctcttgaa ctctgggttc 1620
tcccagcccc ttgtccttcc ttccagctga gccctggcca caotggggct gcctttctct 1680
gactctgtct tccccagtc agggggctct ctgagtgcag ggtctgatgc tgagtccac 1740
ttagcttggg gtcagaacca aggggtttta taaataaccc ttgaaaactg gatcggatga 1800
attggcttcc atttgttcc tagcatcttc tcaaatcaac ttcccaggac tccagggtga 1860
aggaggaaaa gaggcatggc ccaggccctg ggggttggga tatggtctcc ctaggggatg 1920
acagttggga tcaatggcct gtgacttctc ctctcccttc ccccatcctg ggacctaaact 1980
ggaaataaaa ccttgactgt tgcccgggtg tcattttacc agtggatttc tgccagggt 2040
tgtgtcctag gagaaggitt aagttaaacc agattgccc ggtctccaaa cgatttgtca 2100
tgctgacctg agatcatcga agggggcacc tgccccggg caaggttgca ggggcaggat 2160
ggggctgaag ggatgagcag ggtcccgggc ccactgctg atacagcatt ggccatgttg 2220
gggctgcaat cggatttggg agaccctggg gcttgggggc atgtccagtt ttcccagctc 2280
cctaaaaaat gacctgcag cctggcgccg tggctcatgc ctgtaatcca aacactttgg 2340
gaggctgagg caggcagatc acoggaggto aggagttcga gaccagactg gccaacatgg 2400
caaaaacctg tctctactaa aaatacaaaa attagocagg cacagtggca cgtgcctgta 2460
ataccagcta cttgggaggg tcaggcagga gaatcacttg aacctgggag gcggagggtg 2520
cagtgagcca agatcacgcc actgcactcc aggtgggag acagagtga actgtgtctc 2580
aaaaataaaa ataaaaat
2598

```

<210> 35

<211> 347

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 35

Met Ser Ser Trp Ser Arg Gln Arg Pro Lys Ser Pro Gly Gly Ile Gln

1

5

10

15

Pro His Val Ser Arg Thr Leu Phe Leu Leu Leu Leu Ala Ser

20

25

30

Ala Trp Gly Val Thr Leu Ser Pro Lys Asp Cys Gln Val Phe Arg Ser

35

40

45

40/175

Asp His Gly Ser Ser Ile Ser Cys Gln Pro Pro Ala Glu Ile Pro Gly
 50 55 60
 Tyr Leu Pro Ala Asp Thr Val His Leu Ala Val Glu Phe Phe Asn Leu
 65 70 75 80
 Thr His Leu Pro Ala Asn Leu Leu Gln Gly Ala Ser Lys Leu Gln Glu
 85 90 95
 Leu His Leu Ser Ser Asn Gly Leu Glu Ser Leu Ser Pro Glu Phe Leu
 100 105 110
 Arg Pro Val Pro Gln Leu Arg Val Leu Asp Leu Thr Arg Asn Ala Leu
 115 120 125
 Thr Gly Leu Pro Ser Gly Leu Phe Gln Ala Ser Ala Thr Leu Asp Thr
 130 135 140
 Leu Val Leu Lys Glu Asn Gln Leu Glu Val Leu Glu Val Ser Trp Leu
 145 150 155 160
 His Gly Leu Lys Ala Leu Gly His Leu Asp Leu Ser Gly Asn Arg Leu
 165 170 175
 Arg Lys Leu Pro Pro Gly Leu Leu Ala Asn Phe Thr Leu Leu Arg Thr
 180 185 190
 Leu Asp Leu Gly Glu Asn Gln Leu Glu Thr Leu Pro Pro Asp Leu Leu
 195 200 205
 Arg Gly Pro Leu Gln Leu Glu Arg Leu His Leu Glu Gly Asn Lys Leu
 210 215 220
 Gln Val Leu Gly Lys Asp Leu Leu Leu Pro Gln Pro Asp Leu Arg Tyr
 225 230 235 240
 Leu Phe Leu Asn Gly Asn Lys Leu Ala Arg Val Ala Ala Gly Ala Phe
 245 250 255
 Gln Gly Leu Arg Gln Leu Asp Met Leu Asp Leu Ser Asn Asn Ser Leu
 260 265 270
 Ala Ser Val Pro Glu Gly Leu Trp Ala Ser Leu Gly Gln Pro Asn Trp
 275 280 285
 Asp Met Arg Asp Gly Phe Asp Ile Ser Gly Asn Pro Trp Ile Cys Asp
 290 295 300
 Gln Asn Leu Ser Asp Leu Tyr Arg Trp Leu Gln Ala Gln Lys Asp Lys
 305 310 315 320
 Met Phe Ser Gln Asn Asp Thr Arg Cys Ala Gly Pro Glu Ala Val Lys
 325 330 335
 Gly Gln Thr Leu Leu Ala Val Ala Lys Ser Gln
 340 345

<210> 36

<211> 3087

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (216).. (1283)

<400> 36

taacaaaogc	cggcgctgac	aggggcccgc	agccccctccg	ccgcgcggag	cccacgaagg	60
ggacagcgca	gocggcccag	agctcgggto	tccggggacc	gagccttatg	atctcctcat	120
tgcgtccccc	tctgcccact	ggacttggac	ttcagatctg	accccagacc	tgccggctac	180
ctcgggaggg	cccacctccc	cgcccatcca	gcaagatgcc	aatcctcaag	caactgggtg	240
ccagctcggg	gcaactcaaag	cgccgttccc	gagcggacct	cacggccgag	atgatcagcg	300
ccccgcctgg	cgacttccgc	cacaccatgc	acgttggccg	ggccggagac	gcctttgggg	360
acacctcctt	cctcaatagc	aaggctggcg	agcccagacg	cgagtccttg	gacgaacagc	420
cctcttcttc	atcttccaaa	cgcatctccc	tgtccaggaa	gttccggggc	agcaagcggg	480
cacagtcggg	gaccaggggg	gagcgggagc	agcgtgacat	gctgggctcc	ctgcgggact	540
cggccctggt	tgtcaagaat	gccatgtccc	tgccccagct	caatgagaag	gaggcccgcg	600
agaagggcac	cagtaagctg	cccagagacc	tgtcatccag	ccccgtgaag	aaggccaatg	660
acggggaggg	cggcgatgag	gaggcgggca	cggaggaggo	agtgcocctg	cggaaatggg	720
ccgccccgtc	acattccccc	gacccccctc	tcgatgagca	ggcctttggg	gatctgacag	780
atctgcctgt	cgtgcccacg	gccacgtaag	ggctgaagca	tgccggagtcc	atcatgtcct	840
tccacatcga	cctggggccc	tccatgctgg	gtgacgtcct	cagcatcatg	gacaaggagg	900
agtgggaccc	cgaggagggg	gagggtgggt	accatggcga	tgagggcggc	gctggcacca	960
tcacccaggc	tcccccgtag	gccgtggcgg	cccctcccc	ggcaaggcag	gaaggcaagg	1020
ctggcccaga	cttgccctcc	ctccccctcc	atgctctgga	ggatgagggg	tgggcagcag	1080
cggccccccg	ccccggctca	gcccgcagca	tgggcagcca	caccacacgg	gacagcagct	1140
ccctctccag	ctgcacctca	ggcatcctgg	aggagcgcag	ccctgccttc	cgggggcccgg	1200
acagggcccg	ggctgctgtc	tcaaagacag	cagacaagga	gttctccttc	atggatgagg	1260
aggaggaggga	tgaatccgtg	gtgtgaggcg	gacagtgggt	ggccaccogg	agctcttggc	1320
tgcattctot	ccctgcccc	accccaactat	gacctttgac	cctacggcgc	aggggcagcc	1380
aggacccttg	attcagacca	tggaccctgg	acctttaga	tgagggacac	tggcctggcc	1440
ctcgggtctt	cggaggacgt	agggggctgg	catgggtgcc	gactggctgc	ctgacttcat	1500
cacgtccctt	gcacttaggc	tgcgtgggac	aagggtgtg	ttgtcacagc	aggaataggt	1560
tttctctgt	tggcctccct	ttcctccacc	ctggcctcaa	atggatgcca	gatgccaacc	1620
ccagttctgg	ccacgtacag	ccagcgggtc	agcccagagg	cagcctcagc	tccagggcta	1680
aggactctog	gctcccatat	tctctgtgtg	cgtttctgt	gtgcccagca	gtggotgctg	1740
gggaagcagc	tgcagcagga	gggagaoggt	cttgcccttc	agccccctcc	tgccccaccc	1800
cagctcctgc	cctggaaatc	tggagcccct	tggagctgag	ctggacgggg	ggccagctgc	1860
gagcatgtgt	actaaacgca	gccctttcca	ggggaagaga	acaggatgga	gaatggaagg	1920
aaagccccc	aggcttctg	aattgcaaga	agggaccctt	ccaggatgac	actaggaaca	1980
gggctagggc	actcgtcag	tccctagggg	cttgtttgtt	ctttattatt	gtgtttaaat	2040
ccttatagag	caatatcagg	atggtgttaa	taggtctgcc	tcagaatgag	aatcaatcct	2100
tttagaaaac	ctttatacta	agcctcctct	tcgaaattca	cagtggogat	tagcggactg	2160
gagtcctggg	gogattagcg	gactggagtc	tggggacatc	cgtggcaaag	acaccagctc	2220
aacttttagt	cttcccaact	ttatttagaa	tgacatgggg	tgggtgtctg	gtgtgtgtgt	2280
tttccctacg	cacctcccat	agctattaac	aactgaggaa	ggccagtgc	gaatattttt	2340
ggagaacgat	ttttttttta	aataatata	cattcctatg	gggggaaagc	cttttttttc	2400
tttttgctg	agttattccc	tccctcccc	caataccctc	agtactgact	acttcccttt	2460
cttttctcag	gctccccccc	accgactttt	gaggccaggg	ttggccagat	ttagcaaaac	2520
caaaacagag	tgtgagtta	aacgcaaatt	tcaggtaaac	aaaagataat	tttctagcat	2580
taatatgccc	cacgcaatat	ttggaacact	tatgtgaaaa	atgatttgtt	tttctgaaat	2640
tcacgtttct	ctctgagtcc	tgtaaactgt	cccaggggga	ttgagcagaa	gctcgggtat	2700
gagccctgag	gttgactgcc	ggttattttt	ctgacctggg	aacagcctga	cccacctccc	2760

42/175

```

tgtctccatg tagccagtga ggggaggggg agacacagaa ccaaccacag ccaggggctg 2820
ccccatggcg actgtggccc ggccctcctt ctcttgccgt actctcctct cttgcctgac 2880
tctagacact aacttagttc caggttcggg gccctgttgg tgctcctgtt tccaatagct 2940
taggtcccat ggtgggggag gaacctcagg ggctatgcag ccccgccag ctgccctcga 3000
atcccgtcca ggccaattcc agattctaaa ctgatttttt tcatgatatt gtcaaacacg 3060
tgaggaaaca ttaaaaaaaaa aagccct 3087

```

<210> 37

<211> 356

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

```

Met Pro Ile Leu Lys Gln Leu Val Ser Ser Ser Val His Ser Lys Arg
 1           5           10           15
Arg Ser Arg Ala Asp Leu Thr Ala Glu Met Ile Ser Ala Pro Leu Gly
          20           25           30
Asp Phe Arg His Thr Met His Val Gly Arg Ala Gly Asp Ala Phe Gly
          35           40           45
Asp Thr Ser Phe Leu Asn Ser Lys Ala Gly Glu Pro Asp Gly Glu Ser
          50           55           60
Leu Asp Glu Gln Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Ser Leu Leu Ser
          65           70           75           80
Arg Lys Phe Arg Gly Ser Lys Arg Ser Gln Ser Val Thr Arg Gly Glu
          85           90           95
Arg Glu Gln Arg Asp Met Leu Gly Ser Leu Arg Asp Ser Ala Leu Phe
          100          105          110
Val Lys Asn Ala Met Ser Leu Pro Gln Leu Asn Glu Lys Glu Ala Ala
          115          120          125
Glu Lys Gly Thr Ser Lys Leu Pro Lys Ser Leu Ser Ser Pro Val
          130          135          140
Lys Lys Ala Asn Asp Gly Glu Gly Gly Asp Glu Glu Ala Gly Thr Glu
          145          150          155          160
Glu Ala Val Pro Arg Asn Gly Ala Ala Gly Pro His Ser Pro Asp
          165          170          175
Pro Leu Leu Asp Glu Gln Ala Phe Gly Asp Leu Thr Asp Leu Pro Val
          180          185          190
Val Pro Lys Ala Thr Tyr Gly Leu Lys His Ala Glu Ser Ile Met Ser
          195          200          205
Phe His Ile Asp Leu Gly Pro Ser Met Leu Gly Asp Val Leu Ser Ile
          210          215          220
Met Asp Lys Glu Glu Trp Asp Pro Glu Glu Gly Glu Gly Tyr His
          225          230          235          240
Gly Asp Glu Gly Ala Ala Gly Thr Ile Thr Gln Ala Pro Pro Tyr Ala
          245          250          255
Val Ala Ala Pro Pro Leu Ala Arg Gln Glu Gly Lys Ala Gly Pro Asp
          260          265          270

```

43/175

Leu Pro Ser Leu Pro Ser His Ala Leu Glu Asp Glu Gly Trp Ala Ala
 275 280 285
 Ala Ala Pro Ser Pro Gly Ser Ala Arg Ser Met Gly Ser His Thr Thr
 290 295 300
 Arg Asp Ser Ser Ser Leu Ser Ser Cys Thr Ser Gly Ile Leu Glu Glu
 305 310 315 320
 Arg Ser Pro Ala Phe Arg Gly Pro Asp Arg Ala Arg Ala Val Ser
 325 330 335
 Arg Gln Pro Asp Lys Glu Phe Ser Phe Met Asp Glu Glu Glu Glu Asp
 340 345 350
 Glu Ile Arg Val
 355

<210> 38
 <211> 3305
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (41).. (586)

<400> 38

ctctgacagg atcgggggct gaggggaagga ggcggcgggc atggagttgg gcgagctgct 60
 ctacaacaag tctgagtaca togagacggc atctgggaac aaagtcagtc gccagtcagt 120
 gttgtgtgga agccagaaca togttctcaa tggcaagacc attgtgatga atgactgtat 180
 tatccgaggg gatctggcaa atgtaagagt tggacgtcat tgtgttgta aaagtcgtag 240
 tgtcataagg ccaccattca agaagttcag caaagggtgt gcattcttct ctttacatat 300
 tggagaccat gtcttttatt aggaagattg tgttgtcaac gcagcacaga ttggttccta 360
 tgttcatgtt gggaagaact gtgtgattgg gcgcgatgt gtgttgaaag actgotgcaa 420
 aattcttgac aacacagtat tacctccgga aactgtggtt ccaccattca ctgtcttctc 480
 aggctgcccā ggactcttct caggggagct cccggagtgc actcaggagc tcatgattga 540
 cgtcaccaag agctactacc agaagttttt gccctgacg caagtctagc atctctgctt 600
 catgtcttga atctgcttga gctctaagat gaacctgggg acaaagttag ccagtcagca 660
 cctacaaaga gttttgtgt ctttgacatc taccaccctc ctcttttaa aaaatttctt 720
 tagaatttct caatcttcaa ggctctaagt gcttaagaat tcaactaacag acagaccatc 780
 tggaggagct gtcttcaaāt gctgtgctta cacttatct atgaacagtc actttgtacc 840
 attatctgtg gaacacagaa tcatctgttc ccaacactcc agccccttgg tctgtggat 900
 ggctggatcc cgctgaaac ggacctgcag agcagcagca cccttccggt gtggaggcta 960
 tgtagctggt gogctgctca oggcccattca ctgccatgc tgagcgctc tcacacaggt 1020
 aatgccagc ttttctgctg ctaacacatt tggccagtgt ttgagttgc tcatcatctt 1080
 gggaaagggt tttgtgactt ttcagagccc agattcctgt tgtctattaa aacttgaagg 1140
 gaggggtgaa tagtgtttct ctcttcttcc caaaatgacc ttgctgtcc taggatagtt 1200
 agtaaaagac tttttagcat tttgacctag ggcctttggc tttaactaaa agtggggacc 1260
 tcagtatccc agattgtaat tttgccaagt gttagatttg agtctctcat gtggatgcat 1320
 tagtcagggt gttactcctt gcttcaaggt acttacctta ttcatattga gacaccgcat 1380
 ttgtgaactc ttgcttctg gcttagaacc attcagcta cctgtattt gccataaact 1440

44/175

```

ccacaattca caccaaaatg tctgtactta gagctaattc gcataatatac aggaagggct 1500
cttagaatca gtttgtgggc acagagcctc aggagtaaatt gaagttacta gggctgttct 1560
taccatctcc ttctggccaa atagcacaac atttcctcgt tctgctctga cctcttagct 1620
tagaaggaag attcagaagt gaggggctaa gaagggtgtc ottgootaat gctctgatct 1680
gtaagtgaat agggcagaa acgttcagcct tgagggttaga atttagcagg agctatcctg 1740
acttaatatc cagttgtggg gtttgcaaaa caaacagct gtatgtaatc attgccacta 1800
gttccatcta gaactccttt ctagtgtgtt atttttaaaa tgtttataca taaaaccacc 1860
aaaatacata gcttcgacaa gatggaagtt tattttcttc tcccataaca gtgcagtgat 1920
agtcagctgg tccaggccag gcaaggggct ggtccatgat gtcacaggc acccagggtc 1980
ctactgtcct gccatgtggc cacagttagc acaaaggag gctgtaaatt tagtttctac 2040
tigggcagcc aaaactctga ggaaggagat tctgttagta aaaaggagt ggggaagaat 2100
ggccattggg agacaacaag cagactcaac caggcctctt tgttggcttc ctttccctct 2160
gctgcacatg agccttcgcc gtgcatttgg agccatgaca gctgatagct ccagacctgc 2220
atcctcctag cttgggggct ctgaatgaaa ggtttcttcc cttccagttc gaatttggaa 2280
actcccaaag ttctcaatgg tttgttgtga gttccatgtc ctcttggatc agtcaactgtg 2340
gccatgcatg tttggccaca tgattaatcc agtctgggtc atgacctttt cttcatccaa 2400
aacaagggtg tgggaagaca aaaacaatag ctactacaaa caataggagt ttataattat 2460
gtgctgatgt attcgaagat gtgttgacag tctgtagtgt gtatcctagg aaaggcgagc 2520
tggaactctg ctccatgggt gctctcacc cagggaacct ggaacagcct gtcaccacac 2580
aattactttt ataaccctgg agatgaaaat ctcttgttcc tcaaaatact tccagaagaa 2640
caaccagatg ggaaggacct tggttgggac tctttccagt tcaattgggg cagagggaat 2700
ttaatggctc atgtagctga aaaggatggg ctgatttggg cttcaggctg catcccagga 2760
ctccaaacag ggatcigtct ctttggctct cagctctgat ttcatttgag ttggctttat 2820
tcttgggctt cacagtgtgg ccccacagca ccagttattg ataaaaagag ctcccctttg 2880
ctgacagaac tctgtgattt ggttotoatt ggtccagacg aggaaggat ccagcctcaa 2940
gtcatcattg tggccaggaa gatggaatac accaaatgga caggcctggc atgtaccac 3000
agagactgag agttgggtgt ggtgtgtgtg gtggcagatg atattacctg aagaaggac 3060
gaatgggtgc tgggcaggac aaagcatcag ctgtccagtt caggcctctc ctctttccct 3120
gggtgtttca ttttctctcg cctccctgct gtcccttacc ctotgoccaa tototcatta 3180
ctcctggtct tgggagttgc cttctgagga tactccactg ggggtacctg agcctggatt 3240
agagggcagg gggaggatat tgcctagcca aagtgggtgt tcaataaaaa accatttga 3300
gatgg 3305

```

<210> 39

<211> 182

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 39

```

Met Glu Leu Gly Glu Leu Leu Tyr Asn Lys Ser Glu Tyr Ile Glu Thr
  1           5           10           15
Ala Ser Gly Asn Lys Val Ser Arg Gln Ser Val Leu Cys Gly Ser Gln
      20           25           30
Asn Ile Val Leu Asn Gly Lys Thr Ile Val Met Asn Asp Cys Ile Ile
      35           40           45
Arg Gly Asp Leu Ala Asn Val Arg Val Gly Arg His Cys Val Val Lys
      50           55           60

```

45/175

Ser Arg Ser Val Ile Arg Pro Pro Phe Lys Lys Phe Ser Lys Gly Val
 65 70 75 80
 Ala Phe Phe Pro Leu His Ile Gly Asp His Val Phe Ile Glu Glu Asp
 85 90 95
 Cys Val Val Asn Ala Ala Gln Ile Gly Ser Tyr Val His Val Gly Lys
 100 105 110
 Asn Cys Val Ile Gly Arg Arg Cys Val Leu Lys Asp Cys Cys Lys Ile
 115 120 125
 Leu Asp Asn Thr Val Leu Pro Pro Glu Thr Val Val Pro Pro Phe Thr
 130 135 140
 Val Phe Ser Gly Cys Pro Gly Leu Phe Ser Gly Glu Leu Pro Glu Cys
 145 150 155 160
 Thr Gln Glu Leu Met Ile Asp Val Thr Lys Ser Tyr Tyr Gln Lys Phe
 165 170 175
 Leu Pro Leu Thr Gln Val
 180

<210> 40
 <211> 2252
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (451).. (1269)

<400> 40
 catgcagcgc ggctgggtcc cgcggcgccc ggatcgggga agtgaaagtg cctcggaggga 60
 ggagggcogg tcgggcagtg cagccgcctc acaggtoggc ggacggggca ggccgggggc 120
 ctctgaacc gaaccgaatc ggctcctcgg gccgtcgtcc tcccgccctt cctcgcccgcc 180
 cgccggagtt ttctttcggg ttcttccaag attcctggcc ttccctcgac ggagccgggc 240
 ccagtgcggg ggccgagggc gcgggagctc cactctctcg gctttccctg cgtccagagg 300
 ctggcatggc gcgggcccag tactgaaagc acggtcgggg cacagcaggg ccgggggggtg 360
 cagctggctc gcgcctctc tcggccgccc gtctcctccg gtcccggcg aaagccattg 420
 agacaccagc tggacgtcac gcgccggagc atgtctggga gtcagagcga ggtggctcca 480
 tcccgccaga gtccgaggag ccccgagatg gggcgggact tgcggccgg gtcccgctg 540
 ctctgtctcc tgcctctgct cctgtctggg tacctgactc agccaggcaa tggcaacgag 600
 ggcagcgtca ctggaagttg ttattgtggt aaaagaattt cttccgactc cccgccatcg 660
 gttcagttca tgaatcgtct ccggaaacac ctgagagctt accatoggtg tctatactac 720
 acgaggttcc agctcctttc ctggagcgtg tgtggaggca acaaggaccc atgggttcag 780
 gaattgatga gctgtcttga tctcaaagaa tgtggacatg cttactcggg gattgtggcc 840
 caccagaagc atttacttcc taccagcccc ccaatttctc aggcctcaga gggggcatct 900
 tcagatatcc tcacccctgc ccagatgctc ctgtccacct tgcagtcac tcagcgcccc 960
 accctcccag taggatcact gtctcgggac aaagagctca ctcgctccaa tgaaccacc 1020
 attcacactg cgggccacag tctggcagct gggcctgagg ctggggagaa ccagaagcag 1080
 ccggaaaaaa atgctggtcc cacagccagg acatcagcca cagtgcagct cctgtgctc 1140
 ctggccatca tcttcatcct caccgcagcc ctttctatg tctgtgcaa gaggaggagg 1200

46/175

```

gggcagtcac ogcagtcctc tccagatctg ccggttcatt atatacctgt ggcacctgac 1260
tctaatacct gagccaagaa tggaagcttg tgaggagacg gactctatgt tgcccaggct 1320
gttatggaac tccctgagtc agtgatcctc ccaccttggc ctctgaaggt gcgaggatta 1380
taggcgtcac ctaccacatc cagcctacac gtatttgta atatctaaca taggactaac 1440
cagccactgc cctctcttag gccctcatt taaaaacgg taaactataaa atctgctttt 1500
cacactgggt gataataact tggacaaatt ctatgtgtat tttgtttgt tttgctttgc 1560
tttgttttga gacggagtct cgtctgtgca tccaggctgg agtgcagtgg catgatctcg 1620
gctcactgca acccccatct cccaggctca agcgattctc ctgcctcctc ctgagtagct 1680
gggactacag gtgctcacca ccacaccag ctaattttt gtatttttag tagagacggg 1740
gtttcaccat gttgaccagg ctggtctcga actcctgacc tggatgatctg cccaccacgg 1800
cctcccaaag tgctgggatt aaaggtgtga gccaccatgc ctggccctat gtgtgtttt 1860
taactactaa aaattatttt tgaatgatt gactctctt tatggaaaca actggcctca 1920
gcccttgccg ccttactgtg attcctggct ccatttttt ctgatggttc cccctcgtcc 1980
caaatctctc tcccagtaca ccagttgttc ctccccacc tcagccctct cctgcacctc 2040
cctgtaccog caacgaaggg ctgggttttc ccaccctccc tccttagcag gtgccgtgct 2100
gggacaccat acgggttggt ttacccctct cagtccttg cctaccccag tgagagtctg 2160
atcttgtttt tattgttatt gcttttatta ttattgctt tattatcatt aaaactctag 2220
ttcttgtttt gtctctccga aaaaaaaaaa ag 2252

```

<210> 41

<211> 273

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

```

Met Ser Gly Ser Gln Ser Glu Val Ala Pro Ser Pro Gln Ser Pro Arg
 1           5           10           15
Ser Pro Glu Met Gly Arg Asp Leu Arg Pro Gly Ser Arg Val Leu Leu
 20           25           30
Leu Leu Leu Leu Leu Leu Val Tyr Leu Thr Gln Pro Gly Asn Gly
 35           40           45
Asn Glu Gly Ser Val Thr Gly Ser Cys Tyr Cys Gly Lys Arg Ile Ser
 50           55           60
Ser Asp Ser Pro Pro Ser Val Gln Phe Met Asn Arg Leu Arg Lys His
 65           70           75           80
Leu Arg Ala Tyr His Arg Cys Leu Tyr Tyr Thr Arg Phe Gln Leu Leu
 85           90           95
Ser Trp Ser Val Cys Gly Gly Asn Lys Asp Pro Trp Val Gln Glu Leu
100          105          110
Met Ser Cys Leu Asp Leu Lys Glu Cys Gly His Ala Tyr Ser Gly Ile
115          120          125
Val Ala His Gln Lys His Leu Leu Pro Thr Ser Pro Pro Ile Ser Gln
130          135          140
Ala Ser Glu Gly Ala Ser Ser Asp Ile Leu Thr Pro Ala Gln Met Leu
145          150          155          160
Leu Ser Thr Leu Gln Ser Thr Gln Arg Pro Thr Leu Pro Val Gly Ser
165          170          175

```

47/175

Leu Ser Ser Asp Lys Glu Leu Thr Arg Pro Asn Glu Thr Thr Ile His
 180 185 190
 Thr Ala Gly His Ser Leu Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Glu Asn Gln
 195 200 205
 Lys Gln Pro Glu Lys Asn Ala Gly Pro Thr Ala Arg Thr Ser Ala Thr
 210 215 220
 Val Pro Val Leu Cys Leu Leu Ala Ile Ile Phe Ile Leu Thr Ala Ala
 225 230 235 240
 Leu Ser Tyr Val Leu Cys Lys Arg Arg Arg Gly Gln Ser Pro Gln Ser
 245 250 255
 Ser Pro Asp Leu Pro Val His Tyr Ile Pro Val Ala Pro Asp Ser Asn
 260 265 270
 Thr

<210> 42
 <211> 3119
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (94)... (1212)

<400> 42
 aagtaactcg ggaagacgac caagcgggag cgggagcggg agcgggagcc ggagcgagag 60
 cgcgcgggcg cggcgcacag tgcctgattt gagatgggtt cccagggtctc ggtggaatcg 120
 ggagctctgc acgtgggtgat tgtgggtggg ggcttggcg ggatcgcagc agccagccag 180
 ctgcaggccc tgaacgtccc ctccatgotg gtggacatga aggactcctt ccaccacaat 240
 gtggctgctc tccgagctc cgtggagaca gggctogcca aaaagacatt catttcttac 300
 tcggtgactt tcaaggacaa ctcccgccag gggctagtag tgggataga cctgaagaac 360
 cagatggtgc tgcctcaggg tggcagggcc ctgcccttct ctcatcttat cctggccacg 420
 ggcagcaatg ggcccttccc ggccaagttt aatgaggttt ccagccagca ggccgctatc 480
 caggcctatg aggacatggt gaggcaggtc cagcgtcac ggttcacgtt ggtggtgga 540
 ggaggctcgg ctggagtga gatggcagca gagattaaaa cagaatatcc tgagaaagag 600
 gtcactctca ttcaactcca agtggccctg gctgacaagg agctcctgcc ctccgtccgg 660
 caggaagtga aggagatcct cctccggaag ggcgtgcagc tgotgtgag tgagcgggtg 720
 agcaatctgg aggagctgcc tctcaatgag tatcgagagt acatcaaagt gcagacggac 780
 aaaggcacag aggtggccac caacctggtg attctctgca ccggcatcaa gatcaacagc 840
 tccgcctacc gcaaagcatt tgagagcaga ctagccagca gtggtgctct gagagtgaac 900
 gagcacctcc aggtggaggg ccacagcaac gtctaogcca ttggtgactg tgccgacgtg 960
 aggacgcccc agatggccta tcttgccggc ctccacgcca acatcgccgt ggccaacatc 1020
 gtcaactctg tgaagcagcg gccctctccg gccacaagc cgggtgcact gacgttctc 1080
 ctgtccatgg ggagaaatga cgggtgggc caaatoagt gcttctatgt gggccggctc 1140
 atggttcggc tgaccaagag cgggacctg ttctctcta cgagctgga aaccatgagg 1200
 cagtctccac cttgatggag aggccaggcg ggagaactac cgcagcaggt gggcgtagg 1260
 actgcttggc goatggcacc cgootggcaa gtgctagaac taatgctatt cttctggaat 1320

```

aagatgcaaa tgatgtggg gctagaaatg caacttgtat aaaacaaaaa tgggagagag 1380
agaggtatta aacaaatacc ccccttagag gatactttct gggtttggaa ggtgtgcttg 1440
ctgttgtaact gggtagagg ctcattgttg ctggctgcat ggtgctgggg aggccacagc 1500
cagcccttcc tctgcacctg cctcctctgg gatgtgcatg tgtgtgatg tgcctgttgt 1560
catgacgcgt gccatttaga gctctcagag cagggcagat tgcctgggctc tggtagccag 1620
tgtctgtctg tgagggcagg aaggagagct gcacattgag aacaaaggag ggacctgagg 1680
tggagagagg cccagcacc ccaatctctg ccatacacag gtccggggagc ccatacatc 1740
tgcaacaacc agggacttca caggagcctt gttttcaatt tgctaacagg tgcataatcc 1800
ctgtgctcct taagcctcat ggccttccta catttccact ttatttgttt gtttgtttat 1860
ttatttttga gacagtctcg cctgtcacc caggctggag tgcagtggca cgatctcagc 1920
tcaactgcaac ctacgccttc tgggttcacg tgattctctt gccttagcct cccaagtagc 1980
tgggactaca ggcacgtgcc accatgcctg gctaattttt gtatttttta aatagagacg 2040
gggtttcact gtgttggcca ggctggcttc gaacacctga cctcaggtag tccattcgct 2100
ttggcctctc gaagtgtctg gattccaggc gtgagccact gcggccagca catttccact 2160
tttagatcct actccatacc acaggtttca tttagaaga aagagctaga taaatgtgct 2220
cttctggtta ccccaacctg acagagtga tttttacag gctagcaggg gttgagactg 2280
cagcctggcc tgcagccat tggagggtt taaggaggg cagataatgt gactctttgc 2340
ggggtgccat ctgcttacc attagcgagc agagggggtt tctgcgggtg acccccagca 2400
tattcttagg ttacttatg gcagatttgt aagtacaaa actccagctg atgctgggaa 2460
tggggagagg gcccttgagg gactttgtg ttttgtctt ctggtttcct ggccaacccc 2520
agggtcactt gtctggaggc ccagctgggc actaatgtct gccaccgact atgttacagt 2580
gtataaatga ttctctatt tgggagagat cttccaatcc agaggagccc ctcttggaact 2640
gcctgggtta aatctgcata gcagaaatgg ttgatgagtt catctgaaga aattcaggcc 2700
ccacctcccc acctgcccc tccctgctcc cttttgatgg tggcctctgg gtaactgggc 2760
agagtcttg ggacaccagc ctctctgggg ttctoaggcc atcccgttgg ggctgtgcgc 2820
caggcctaag tgagtctgt gcctctattg gaggatggct gttcccctgg tgggtgcac 2880
caagtatctg tctttcttta tggaccaaga agggaagccc accttctctg aggcaggacc 2940
ttcgccctaa gaaacacagg cctgtgtgt atctgacct ggtccagcg aggtgggaat 3000
cccagtgtg gagcgacagg ctttctcta ttgacttaca atattctaga aggacctacg 3060
tgtggggaca cagttttcca aactaggaa aatgttgcaa taaaagaata tgttgtaag 3119

```

<210> 43

<211> 373

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

```

Met Gly Ser Gln Val Ser Val Glu Ser Gly Ala Leu His Val Val Ile
 1           5           10           15
Val Gly Gly Gly Phe Gly Gly Ile Ala Ala Ala Ser Gln Leu Gln Ala
 20           25           30
Leu Asn Val Pro Phe Met Leu Val Asp Met Lys Asp Ser Phe His His
 35           40           45
Asn Val Ala Ala Leu Arg Ala Ser Val Glu Thr Gly Phe Ala Lys Lys
 50           55           60
Thr Phe Ile Ser Tyr Ser Val Thr Phe Lys Asp Asn Phe Arg Gln Gly
 65           70           75           80

```

49/175

```

Leu Val Val Gly Ile Asp Leu Lys Asn Gln Met Val Leu Leu Gln Gly
      85          90          95
Gly Glu Ala Leu Pro Phe Ser His Leu Ile Leu Ala Thr Gly Ser Thr
      100          105          110
Gly Pro Phe Pro Gly Lys Phe Asn Glu Val Ser Ser Gln Gln Ala Ala
      115          120          125
Ile Gln Ala Tyr Glu Asp Met Val Arg Gln Val Gln Arg Ser Arg Phe
      130          135          140
Ile Val Val Val Gly Gly Gly Ser Ala Gly Val Glu Met Ala Ala Glu
      145          150          155          160
Ile Lys Thr Glu Tyr Pro Glu Lys Glu Val Thr Leu Ile His Ser Gln
      165          170          175
Val Ala Leu Ala Asp Lys Glu Leu Leu Pro Ser Val Arg Gln Glu Val
      180          185          190
Lys Glu Ile Leu Leu Arg Lys Gly Val Gln Leu Leu Leu Ser Glu Arg
      195          200          205
Val Ser Asn Leu Glu Glu Leu Pro Leu Asn Glu Tyr Arg Glu Tyr Ile
      210          215          220
Lys Val Gln Thr Asp Lys Gly Thr Glu Val Ala Thr Asn Leu Val Ile
      225          230          235          240
Leu Cys Thr Gly Ile Lys Ile Asn Ser Ser Ala Tyr Arg Lys Ala Phe
      245          250          255
Glu Ser Arg Leu Ala Ser Ser Gly Ala Leu Arg Val Asn Glu His Leu
      260          265          270
Gln Val Glu Gly His Ser Asn Val Tyr Ala Ile Gly Asp Cys Ala Asp
      275          280          285
Val Arg Thr Pro Lys Met Ala Tyr Leu Ala Gly Leu His Ala Asn Ile
      290          295          300
Ala Val Ala Asn Ile Val Asn Ser Val Lys Gln Arg Pro Leu Gln Ala
      305          310          315          320
Tyr Lys Pro Gly Ala Leu Thr Phe Leu Leu Ser Met Gly Arg Asn Asp
      325          330          335
-----
Gly Val Gly Gln Ile Ser Gly Phe Tyr Val Gly Arg Leu Met Val Arg
      340          345          350
Leu Thr Lys Ser Arg Asp Leu Phe Val Ser Thr Ser Trp Lys Thr Met
      355          360          365
Arg Gln Ser Pro Pro
      370

```

<210> 44

<211> 3111

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (39).. (2762)

<400> 44

attataatta cgatgatgaa gatgaagatg aaaatgcaat ggatgctgat ggtggatgat 60
atgatgatca agggagtgat gatgaataga gtgatgatga tgacatgagt tggaaagtga 120
gacgtgcagc tgcgaagtgc ttggatgccg tagttagcac aaggcatgaa atgcttcag 180
aattctacaa gaccgtctct cctgcactaa tatccagatt taaagagcgt gaagagaatg 240
taaaggcaga tgtttttcac gcataccttt ctcttttgaa gcaaaactcgt cctgtacaaa 300
gttggctatg tgaccctgat gcaatggagc agggagaaac acctttaaca atgcttcaga 360
gtcaggttcc caacattggt aaagctcttc acaaacagat gaaagaaaaa agtgtgaaga 420
cccgacagtg ttgttttaac atattaactg agctggtaaa tgtattacct ggggccctaa 480
ctcaacacat tctgtactt gtaccaggaa tcattttctc actgaatgat aaatcaagct 540
catogaattt gaagatogat gctttgtcat gtctatacgt aatcctctgt aaccattctc 600
ctcaagtctt ccatactcac gttcaggctt tggttcctcc agtgggtggg tgtgttggag 660
acccatttta caaaattaca tctgaggcac ttcttgttac tcaacagctt gtcaaagtaa 720
ttcgtccttt agatcagcct tctcgtttg atgcaactcc ttatatcaaa gatctattta 780
cctgtaccat taagagatta aaagcagctg acattgatca ggaagtcaag gaaagggcta 840
tttctgtat gggacaaatt atttgcaacc ttggagacaa tttgggttct gacttgcta 900
atacacttca gattttcttg gagagactaa agaatgaaat taccaggta actacagtaa 960
aggcattgac actgattgct gggtcacctt tgaagataga tttgaggcct gttctgggag 1020
aagggttcc tatcttctt tcatttotta gaaaaaacca gagagcttg aaactgggta 1080
ctctttctgc cttgatatt ctaataaaaa actatagtga cagcttgaca gctgccatga 1140
ttgatgcagt tctagatgag ctcccacctc ttatcagoga aagtgatag catgtttcac 1200
aaatggccat cagttttctt accactttgg caaaagtata tccctctcc ctttcaaaga 1260
taagtggatc catttcaat gaacttatig gacttgtgag atcaccctta ttgcaggggg 1320
gagctcttag tgcctatgta gactttttcc aagctctggt tgtcactgga acaataatt 1380
taggatacat ggatttgtt cgcctatgta ctggtccagt ttactctcag agcacagctc 1440
ttactcataa gcagtattat tattccattg ccaaatgtgt agctgccctt actcagcat 1500
gccctaaaga gggaccagct gtagtaggtc agtttattca agatgtcaag aactcaaggt 1560
ctacagattc catttgtctc tttagctctac tttctcttgg agaagttggg catcatattg 1620
acttaagtgg acagtiggaa ctaaaatctg taataactaga agctttctca tctctagt 1680
aagaagtcaa atcagctgca cctatgcat taggcagcat tagtgtgggc aaccttctg 1740
aatatctgcc gttgtctctg caagaaataa ctagtcaacc caaaaggcag tatctttac 1800
ttcattctt gaaggaaatt attagctctg catcagtgtt gggccttaaa ccatatgtt 1860
aaaacatctg ggccttatta ctaaagcact gtgagtgtgc agaggaaaga accagaaatg 1920
ttgttctga atgtctagga aaactcactc taattgatcc agaaactctc cttccacggc 1980
ttaaggggta cttgatatca ggctcatcat atgccgaag ctgagtgtt acggctgtga 2040
aatttacaat ttctgacct ccacaacctt ttgatccact gttaagaac tgcattaggtg 2100
atttctaaa aactttggaa gaccagatt tgaatgtgag aagagttagc ttggtcacat 2160
ttaattcagc agcacataac agccatcat taataaggga tctattggat actgttctc 2220
cacatcttta caatgaaaca aaagttagaa aggagcttat aagagaggta gaaatgggtc 2280
catttaacaa tacggttgat gatggtctgg atattagaaa ggcagcattt gagtgtatgt 2340
acacacttct agacagtgt cttgatagac ttgatatctt tgaatttcta aatcatgtt 2400
aagatggtt gaaggacct tatgatatta agatgctgac atttttaatg ttggtgagac 2460
tgtctacct ttgtccaagt gcagtactgc agaggttggg ccgacttgtt gagocattac 2520
gtgcaacatg tacaactaag gtaaaggcaa actcagtaaa gcaggagttt gaaaaacaag 2580
atgaattaaa cgcactctgc acgagagcag tagcagcact actaaccatt ccagaagcag 2640
agaagagtc actgatgagt gaattccagt cacagatcag ttctaacct gagctggcgg 2700
ctatcttga aagtatccag aaagattcat catctactaa cttggaatca atggacacta 2760

51/175

```

gttagatgtt tgttcacccat ggggaccatt acatatgacc atacaatgca ctgaattgac 2820
aggttaatca taagacatgg aaagagaagt gtctaaaagc ttcaaaatgt tccacttttt 2880
tttccttcat ggagactgtt tgtttggctt tcttccattg ttgtttttgt agcattttatt 2940
tcagaaatgt gtatttccat aatccagagg ttgtaaaacc actagtgttt tagtggttac 3000
agcaacattt gaaatggaaa ctagaagtta ggattttatg gagtatggag atagggtcca 3060
gtatctatct accctgtaat gtttaggatt aaaatgttaa aattttgtga c 3111

```

<210> 45

<211> 908

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 45

```

Met Asp Ala Asp Gly Gly Asp Asp Asp Asp Gln Gly Ser Asp Asp Glu
1      5      10      15
Tyr Ser Asp Asp Asp Met Ser Trp Lys Val Arg Arg Ala Ala Ala
20     25     30
Lys Cys Leu Asp Ala Val Val Ser Thr Arg His Glu Met Leu Pro Glu
35     40     45
Phe Tyr Lys Thr Val Ser Pro Ala Leu Ile Ser Arg Phe Lys Glu Arg
50     55     60
Glu Glu Asn Val Lys Ala Asp Val Phe His Ala Tyr Leu Ser Leu Leu
65     70     75     80
Lys Gln Thr Arg Pro Val Gln Ser Trp Leu Cys Asp Pro Asp Ala Met
85     90     95
Glu Gln Gly Glu Thr Pro Leu Thr Met Leu Gln Ser Gln Val Pro Asn
100    105    110
Ile Val Lys Ala Leu His Lys Gln Met Lys Glu Lys Ser Val Lys Thr
115    120    125
Arg Gln Cys Cys Phe Asn Ile Leu Thr Glu Leu Val Asn Val Leu Pro
130    135    140
Gly Ala Leu Thr Gln His Ile Pro Val Leu Val Pro Gly Ile Ile Phe
145    150    155    160
Ser Leu Asn Asp Lys Ser Ser Ser Ser Asn Leu Lys Ile Asp Ala Leu
165    170    175
Ser Cys Leu Tyr Val Ile Leu Cys Asn His Ser Pro Gln Val Phe His
180    185    190
Pro His Val Gln Ala Leu Val Pro Pro Val Val Ala Cys Val Gly Asp
195    200    205
Pro Phe Tyr Lys Ile Thr Ser Glu Ala Leu Leu Val Thr Gln Gln Leu
210    215    220
Val Lys Val Ile Arg Pro Leu Asp Gln Pro Ser Ser Phe Asp Ala Thr
225    230    235    240
Pro Tyr Ile Lys Asp Leu Phe Thr Cys Thr Ile Lys Arg Leu Lys Ala
245    250    255
Ala Asp Ile Asp Gln Glu Val Lys Glu Arg Ala Ile Ser Cys Met Gly
260    265    270

```

52/175

Gln Ile Ile Cys Asn Leu Gly Asp Asn Leu Gly Ser Asp Leu Pro Asn
 275 280 285
 Thr Leu Gln Ile Phe Leu Glu Arg Leu Lys Asn Glu Ile Thr Arg Leu
 290 295 300
 Thr Thr Val Lys Ala Leu Thr Leu Ile Ala Gly Ser Pro Leu Lys Ile
 305 310 315 320
 Asp Leu Arg Pro Val Leu Gly Glu Gly Val Pro Ile Leu Ala Ser Phe
 325 330 335
 Leu Arg Lys Asn Gln Arg Ala Leu Lys Leu Gly Thr Leu Ser Ala Leu
 340 345 350
 Asp Ile Leu Ile Lys Asn Tyr Ser Asp Ser Leu Thr Ala Ala Met Ile
 355 360 365
 Asp Ala Val Leu Asp Glu Leu Pro Pro Leu Ile Ser Glu Ser Asp Met
 370 375 380
 His Val Ser Gln Met Ala Ile Ser Phe Leu Thr Leu Ala Lys Val
 385 390 395 400
 Tyr Pro Ser Ser Leu Ser Lys Ile Ser Gly Ser Ile Leu Asn Glu Leu
 405 410 415
 Ile Gly Leu Val Arg Ser Pro Leu Leu Gln Gly Gly Ala Leu Ser Ala
 420 425 430
 Met Leu Asp Phe Phe Gln Ala Leu Val Val Thr Gly Thr Asn Asn Leu
 435 440 445
 Gly Tyr Met Asp Leu Leu Arg Met Leu Thr Gly Pro Val Tyr Ser Gln
 450 455 460
 Ser Thr Ala Leu Thr His Lys Gln Ser Tyr Tyr Ser Ile Ala Lys Cys
 465 470 475 480
 Val Ala Ala Leu Thr Arg Ala Cys Pro Lys Glu Gly Pro Ala Val Val
 485 490 495
 Gly Gln Phe Ile Gln Asp Val Lys Asn Ser Arg Ser Thr Asp Ser Ile
 500 505 510
 Arg Leu Leu Ala Leu Leu Ser Leu Gly Glu Val Gly His His Ile Asp
 515 520 525
 Leu Ser Gly Gln Leu Glu Leu Lys Ser Val Ile Leu Glu Ala Phe Ser
 530 535 540
 Ser Pro Ser Glu Glu Val Lys Ser Ala Ala Ser Tyr Ala Leu Gly Ser
 545 550 555 560
 Ile Ser Val Gly Asn Leu Pro Glu Tyr Leu Pro Phe Val Leu Gln Glu
 565 570 575
 Ile Thr Ser Gln Pro Lys Arg Gln Tyr Leu Leu Leu His Ser Leu Lys
 580 585 590
 Glu Ile Ile Ser Ser Ala Ser Val Val Gly Leu Lys Pro Tyr Val Glu
 595 600 605
 Asn Ile Trp Ala Leu Leu Leu Lys His Cys Glu Cys Ala Glu Glu Gly
 610 615 620
 Thr Arg Asn Val Val Ala Glu Cys Leu Gly Lys Leu Thr Leu Ile Asp
 625 630 635 640
 Pro Glu Thr Leu Leu Pro Arg Leu Lys Gly Tyr Leu Ile Ser Gly Ser
 645 650 655

53/175

Ser Tyr Ala Arg Ser Ser Val Val Thr Ala Val Lys Phe Thr Ile Ser
 660 665 670
 Asp His Pro Gln Pro Ile Asp Pro Leu Leu Lys Asn Cys Ile Gly Asp
 675 680 685
 Phe Leu Lys Thr Leu Glu Asp Pro Asp Leu Asn Val Arg Arg Val Ala
 690 695 700
 Leu Val Thr Phe Asn Ser Ala Ala His Asn Lys Pro Ser Leu Ile Arg
 705 710 715 720
 Asp Leu Leu Asp Thr Val Leu Pro His Leu Tyr Asn Glu Thr Lys Val
 725 730 735
 Arg Lys Glu Leu Ile Arg Glu Val Glu Met Gly Pro Phe Lys His Thr
 740 745 750
 Val Asp Asp Gly Leu Asp Ile Arg Lys Ala Ala Phe Glu Cys Met Tyr
 755 760 765
 Thr Leu Leu Asp Ser Cys Leu Asp Arg Leu Asp Ile Phe Glu Phe Leu
 770 775 780
 Asn His Val Glu Asp Gly Leu Lys Asp His Tyr Asp Ile Lys Met Leu
 785 790 795 800
 Thr Phe Leu Met Leu Val Arg Leu Ser Thr Leu Cys Pro Ser Ala Val
 805 810 815
 Leu Gln Arg Leu Asp Arg Leu Val Glu Pro Leu Arg Ala Thr Cys Thr
 820 825 830
 Thr Lys Val Lys Ala Asn Ser Val Lys Gln Glu Phe Glu Lys Gln Asp
 835 840 845
 Glu Leu Lys Arg Ser Ala Thr Arg Ala Val Ala Ala Leu Leu Thr Ile
 850 855 860
 Pro Glu Ala Glu Lys Ser Pro Leu Met Ser Glu Phe Gln Ser Gln Ile
 865 870 875 880
 Ser Ser Asn Pro Glu Leu Ala Ala Ile Phe Glu Ser Ile Gln Lys Asp
 885 890 895
 Ser Ser Ser Thr Asn Leu Glu Ser Met Asp Thr Ser
 900 905

<210> 46

<211> 1599

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (156).. (623)

<400> 46

agtagccgcc tctgccgcc cggagcttcc ogaaccttt cagccgcccg gagccgctcc 60
 cggagcccg cgttagaggc tgcaatcgca gccgggagcc cgcagcccg gccccgagcc 120
 cgccgccgcc cttcgagggc gccccaggcc gcgccatggt gaaggtgacg ttcaactcgc 180
 ctctggccca gaaggaggcc aagaaggacg agcccaagag cggcgaggag gcgctcatca 240

54/175

```

tccccccoga cgccgtcgcg gtggactgca aggaccacaga tgatgtggta ccagttggcc 300
aaagaagagc ctgggtgttg tgcatgtgct ttggactagc atttatgctt gcagggtgta 360
ttotaggagg agcatacttg tacaaatatt ttgoacttca accagatgac gtgtactact 420
gtggaataaaa gtacatcaaa gatgatgtca tottaaata ggcctctgca gatgccccag 480
ctgctctcta ccagacaatt gaagaaaata ttaaaatctt tgagaagaag aagttgaatt 540
tatcagtgtg cctgtcccag agtttgcaga tagigatcct gccaacattg ttcatgactt 600
taacaagaaa cttacagcct atttagatct taacctggat aagtgcctat tgatccctct 660
gaacacttcc attgttatgc caccagaaa cctactggag ttacttatta acatcaaggc 720
tggaacctat ttgcctcagt cctatctgat tcatgagcac atggttatta ctgatcgcat 780
tgaaaacatt gatcacctgg gtttctttat ttatcgactg tgcctatgaca aggaaactta 840
caaaactgcaa cgcagagaaa ctattaaagg tattcagaaa cgtgaagcca gcaattgttt 900
cgcaattcgg cattttgaaa acaaaatttgc cgtggaaact ttaatttgtt cttgaaacagt 960
caagaaaaaac attattgagg aaaattaata tcacagcata accccaccct ttacattttg 1020
tgcagtgatt attttttaa gtottcttct atgtaagtag caaacagggc ttactatct 1080
tttcatctca ttaattcaat taaaaccatt accttaaaat ttttttctt cgaagtgttg 1140
tgttttttat atttgaatta gtaactgtat gaagtcatag ataatagtac atgtcacctt 1200
aggtagtagg aagaattaca atttctttaa atcatttato tggattttta tgttttatta 1260
gcattttcaa gaagacggat tatctagaga ataatcatat atatgcatac gtaaaaatgg 1320
accacagtga cttatttcta gttgttagtt gccctgtcac ctagtttgtt agtgcatttg 1380
agcacacatt ttaattttcc tctaattaaa atgtgcagta ttttcaatgt caaatatatt 1440
taactattta gagaatgatt tccaccttta tgttttaata tccctaggcat ctgctgtaat 1500
aatatttttag aaaatgtttg gaatttaaga aataacttgt gttactaatt tgtataaacc 1560
atatctgtgc aatggaatat aaatatcaca aagttgttt 1599

```

<210> 47

<211> 156

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

```

Met Val Lys Val Thr Phe Asn Ser Ala Leu Ala Gln Lys Glu Ala Lys
1      5      10      15
Lys Asp Glu Pro Lys Ser Gly Glu Glu Ala Leu Ile Ile Pro Pro Asp
20     25     30
Ala Val Ala Val Asp Cys Lys Asp Pro Asp Asp Val Val Pro Val Gly
35     40     45
Gln Arg Arg Ala Trp Cys Trp Cys Met Cys Phe Gly Leu Ala Phe Met
50     55     60
Leu Ala Gly Val Ile Leu Gly Gly Ala Tyr Leu Tyr Lys Tyr Phe Ala
65     70     75     80
Leu Gln Pro Asp Asp Val Tyr Tyr Cys Gly Ile Lys Tyr Ile Lys Asp
85     90     95
Asp Val Ile Leu Asn Glu Pro Ser Ala Asp Ala Pro Ala Ala Leu Tyr
100    105    110
Gln Thr Ile Glu Glu Asn Ile Lys Ile Phe Glu Lys Lys Lys Leu Asn
115    120    125
Leu Ser Val Cys Leu Ser Gln Ser Leu Gln Ile Val Ile Leu Pro Thr

```

55/175

130 135 140
 Leu Phe Met Thr Leu Thr Arg Asn Leu Gln Pro Ile
 145 150 155

<210> 48
 <211> 3733
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (20).. (1000)

<400> 48

```

agcggcgggc aggcggggca tggcgtccat ggcggcggcg atcggcgctt cgcgctcggc 60
ggatcatgagc gggaaacggc ctctggacga cgggagcgga aagcgcttca cttacttctc 120
gtcgtcagac cccatggcca ggaagatcat gcaggacaag gagaagatcc gcgagaagta 180
cgggcccagc tgggcggcgc tgcgcggcgc gcagcaggac gagatcatcg accggtgcct 240
gggtggggcgc cgcgcccggc cgcggcggga cccgggggac tcggaggagc tcaogcgctt 300
ccccggcttg cgcggggcca cgggcccaga ggttggtgcgc ttgggggacg aggatctaac 360
ttggcaagat gagcactctg cccctttctc ctgggaaaca aagagtcaga tggagttcag 420
tatctccgcc ctatccatcc aggagccgag caacggcacc gccgccagcg agcccagacc 480
actgtccaaa gcttcccagg gctcccaggc cctcaagtcc tcccaaggca goaggtcctc 540
cagcctggac gccctggggc ccaccaggaa ggaggaggaa gcgtcattct ggaagatcaa 600
tgctgagcgg tcccgagggg aggggcctga ggcgagttc cagtcgctga cccctagcca 660
gatcaagtcc atggagaagg gggaaaaggc cttgcctccc tgctaccggc aggaacctgc 720
ccgaaggac agggaggcca aggtggaag gccagcacc ctccgtcagg agcagcgtcc 780
tcttcccaac gtgagcacc aacgtgagag accccagcct gtccaggcct tcagcagtcg 840
actgcacgag gctgccccct cccagctcga ggggaagctg ccatctcctg atgtcaggca 900
ggacgatggg gaagacaccc tgttctcgga acccaagttt gcacaggcca gctcaagtaa 960
tgtcgtcttg aagacgggat ttgattttct ggacaattgg taaaatgtat tagaaaaata 1020
caatgaagaa ccttaaaatg ttttccaaag tgggtgtggg gaggaggata aaaagggcca 1080
ccttttccta tgtattttac tggttcttg acactctttt cttaatcacc tggaaactgg 1140
tcaatattgc cagatttttt tcttttttg tagaaccaga tatatatgct attttcagtg 1200
atttgataac agaagttttc catttggaat ttttaaggtc tgtaataat tcaggagatc 1260
ttgtaaataa aactctgttt cccagctcca cccaactttc cccctcctca aaggatgtgt 1320
ttcaaccatg tcacaaaaat catataagtg atttccatct ccttctccat tattccctct 1380
ccccctccg ctttttaacc tatgggttcc ttttggtggg tgattgaggg tgatgttatc 1440
agccatgaca tcagcatgct ggctgtgacc cgggaaagac tggccccag cgacgttctc 1500
agccagcgct cgcagctgtc oggggcttct ctggcagaag ccatgtctct caccatcatgt 1560
gccagcctcc accctcacgc cattccagg gaacagactg cgggtatgta gcagtgtagt 1620
ctttaacctg ctctgataca tattcagagt atggattgtt gtttaaaaag agttgcatgt 1680
ttaagagtt ttgtaactago ttttcattat tttgtatcta gattatcaac aatggggcta 1740
ccactttcct tggttttata tccatttctt cttggaagtt cttgttgctt atgtgacctg 1800
ttggttggtc cccggactgg gcacctacag gagtcagggc agacggcaga tgtggctgga 1860
ggtcagggct cttctgttta gttgtgttag agtcttcag catgggactg atgggagcag 1920
tgggcattct ttaaccacag ggctagccag gttgcgtcat gacggacott cccagccct 1980

```

56/175

```

gaccaccacc agaagtggaa gaggaggatt tgcgggtcaac tcagcagtgc ccatggagac 2040
ctgcgtgggtg tcagagcagc agtatctctt ggagctgggtg cagacaccâa ggctgcccag 2100
tggtacaaog tgggccacct cccctaggga agctgotgca ctcagaggct gtcttgccca 2160
gtggcccttg agccgtgtga gcctgcagga ggctgtctag cagagcctca agcccggat 2220
ggcgccatct ccatgttgcc atcactgcgt tctcacctga agccttaatc ttgtcgacac 2280
ctgccagtga gcgctcggtt tcaataccaa agtgtgtctt cttctttttt ttttttttaa 2340
atgcctgttt cataggacct tctgaaatga ttccagaat attttatctg gctccaaaat 2400
aaagcacata gcaactcacc tcaacccctc atcatctcca ggaaagtctc tgccaaagct 2460
gtggcatagc caacttttga ttfggttctt gccaatgttt ttatgtccct aaacctcatt 2520
tggtatccttg ggggtatagtt ttatctttct gcttcagtga ttactgttaa cttttcaaat 2580
attggttctt tctgtacctt ttaagtatag ttgatatatg tgaggcaaaa aaaggtttca 2640
gcatgttggt gagggaâaaa ggagcttaga aatcccagtt ggcacagcct gggcaagcgc 2700
cagctccctt cagggtctaac ggcactgttc acacagggat cctcagaatc agcggccacc 2760
tgctccacc ttctgcctgg agggcatggg gctgtttagt aacctatggt agcaaatgta 2820
tatgtatgag ttgtattctt gtagtgttgg ttagtcacag aagaaagacc tgtgtcctag 2880
agagtaggoc aaggtgatct gcctcttcta ttgggagaaa ttctaatttc ttcccaactt 2940
tctcaacaag cccaatattc cctccaagtt cttcttggtg ctgagggtg taggaattat 3000
tgaaagcttc tgctcactt agtatcgtct ggggccagc acccagcaat aactctaata 3060
atgtttctta atggtatagc ctcttgagat taaatgtaaa atcaaaat aggaaatctt 3120
ggaggagtc ctcaagttgt attgctttgc tgtgctttt gaagaaggga cgacctggag 3180
gacacaggct cctgtgtggg tcttcactct gcctgacgg cagatcttc tctacactt 3240
gggcaagtc tatgcaaga tggtttctta gctctcatt tgccatgatt ttctcccat 3300
tcactatgag ggagtttctc aaaccaggag ttatatttta ttttttagaa aatacacact 3360
tttcaggaga aacctgagca tgattttgga ttctccact ccccccagtc totgcactg 3420
ggattcagct caaggattca gtgtcttcat ttttacaaaa gtcccccaa gaaatcagca 3480
accagcctct gtttcatctg ggagccctc ccttgccccc ctgggtttgg ggggtgtgcc 3540
ctactgggaa cagcgggggt ctgtcaccog totgagcgc accccctgt gtggatttca 3600
ggaagagcct ccttttctt gcgtctcct ttctttaatt aacattttca aaagtaataa 3660
attcttactg acgacttgta acttagtcat attttatact ttagccttt aataaagcca 3720
tttaaaaaat gct 3733

```

<210> 49

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

```

Met Ala Ser Met Ala Ala Ile Ala Ala Ser Arg Ser Ala Val Met
 1           5           10           15
Ser Gly Asn Arg Pro Leu Asp Asp Arg Glu Arg Lys Arg Phe Thr Tyr
      20           25           30
Phe Ser Ser Leu Ser Pro Met Ala Arg Lys Ile Met Gln Asp Lys Glu
      35           40           45
Lys Ile Arg Glu Lys Tyr Gly Pro Glu Trp Ala Arg Leu Pro Pro Ala
      50           55           60
Gln Gln Asp Glu Ile Ile Asp Arg Cys Leu Val Gly Pro Arg Ala Pro
      65           70           75           80

```

57/175

Ala Pro Arg Asp Pro Gly Asp Ser Glu Glu Leu Thr Arg Phe Pro Gly
 85 90 95
 Leu Arg Gly Pro Thr Gly Gln Lys Val Val Arg Phe Gly Asp Glu Asp
 100 105 110
 Leu Thr Trp Gln Asp Glu His Ser Ala Pro Phe Ser Trp Glu Thr Lys
 115 120 125
 Ser Gln Met Glu Phe Ser Ile Ser Ala Leu Ser Ile Gln Glu Pro Ser
 130 135 140
 Asn Gly Thr Ala Ala Ser Glu Pro Arg Pro Leu Ser Lys Ala Ser Gln
 145 150 155 160
 Gly Ser Gln Ala Leu Lys Ser Ser Gln Gly Ser Arg Ser Ser Ser Leu
 165 170 175
 Asp Ala Leu Gly Pro Thr Arg Lys Glu Glu Glu Ala Ser Phe Trp Lys
 180 185 190
 Ile Asn Ala Glu Arg Ser Arg Gly Glu Gly Pro Glu Ala Glu Phe Gln
 195 200 205
 Ser Leu Thr Pro Ser Gln Ile Lys Ser Met Glu Lys Gly Glu Lys Val
 210 215 220
 Leu Pro Pro Cys Tyr Arg Gln Glu Pro Ala Pro Lys Asp Arg Glu Ala
 225 230 235 240
 Lys Val Glu Arg Pro Ser Thr Leu Arg Gln Glu Gln Arg Pro Leu Pro
 245 250 255
 Asn Val Ser Thr Glu Arg Glu Arg Pro Gln Pro Val Gln Ala Phe Ser
 260 265 270
 Ser Ala Leu His Glu Ala Ala Pro Ser Gln Leu Glu Gly Lys Leu Pro
 275 280 285
 Ser Pro Asp Val Arg Gln Asp Asp Gly Glu Asp Thr Leu Phe Ser Glu
 290 295 300
 Pro Lys Phe Ala Gln Val Ser Ser Ser Asn Val Val Leu Lys Thr Gly
 305 310 315 320
 Phe Asp Phe Leu Asp Asn Trp
 325

<210> 50

<211> 1881

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (141).. (1214)

<400> 50

ttttgatgag cgggatcttc aatattcatg ttattttctc ctttggtcctt atatgattgt 60
 tacctttatg aagctttagt gattacaaag cacttttttt gtccattttt acctgagctt 120
 tgtaaactct gatttgcagg atggctggct gtggtgaaat tgatcattca ataaacatgc 180
 ttctacaaa caggaaagcg aacgagtcct gttctaatac tgcaccttct ttaacogtcc 240

58/175

```

ctgaatgtgc catttgtctg caaacatgtg ttcattccagt cagtctgccc tgtaagcacg 300
ttttctgcta tctatgtgta aaaggagctt catggcttgg aaagogggtgt gctcttcgtc 360
gacaagaaat tcccagggat ttcttgcaca agccaacctt gttgtcacca gaagaactca 420
aggcagcaag tagaggaaat ggtgaatatg catggtatta tgaaggaaga aatgggtggt 480
ggcagtagca tgagcgcaact agtagagagc tggagatgc tttttccaaa ggtaaaaaga 540
aactgaaat gttaattgct ggctttctgt atgtcgtga tcttgaaaac atggttcaat 600
ataggagaaa tgaacatgga cgtcgcagga agattaagcg agatataata gatataccaa 660
agaagggagt agctggactt aggctagact gtgatgctaa taccgtaaac ctagcaagag 720
agagctctgc tgacggagcg gacagtgtat cagcacagag tggagcttct gttcagcccc 780
tagtgtotto tgtaaggccc ctaacatcag tagatggtca gtcaacaagc cctgcaacac 840
catcccctga tgcaagcaact tctctggaag actcttttgc tcatttacaa ctacgtggag 900
acaacacagc tgaaggagt cataggggag aaggagaaga agatcatgaa tcaccatctt 960
caggaagggt accagaccca gacacctcca ttgaagaaac tgaatcagat gccagtagtg 1020
atagttagga tgtatctgca gttgttgca agcactctt gacccaacag agacttttgg 1080
tttctaattg aaaccagaca gtacccgac gatcagatcg attgggaact gatcgatcag 1140
tagcaggggg tggaacagtg agtgtcagt tcagatctag aaggcctgat ggacagtgca 1200
cagtaactga agtttaaata aaaatgtctt cagctccatg ctcaagggtg aaagggttac 1260
ctgtaaat tctgccacat aacattatac tcatccctag tagtgcattt tgggagttgg 1320
ggtgggaagg ggtatgggaa gtagagactc ataattaaaa tgtctaacat gtctctgttg 1380
agaaatttat ttaatgtaag gaacttgggt gtaatatgtt gagagctgtt tagtaataac 1440
cagttttct tgaggctgtt ttactttata ctttttaaaa acttctgtag ttcttttggc 1500
cagtgtgttt gtattatctg tgcattaatg gtctcatct gactcctgca ttgtgtctta 1560
ttttctgca tggattggca taagaccatt actaaaattt ggcacctgtg agatgtttga 1620
tattatgaac aggaacata atttaatgta tgaatagatg tgaatttggg atttcaaaat 1680
agatgaataa caactatttt atagtaaagt tattgaaatg gaaatgaaaa cagccagtaa 1740
cttatgtttc agaatgtttg taacacactt catggtgttc ccataggctt tgctgtctag 1800
tcttatagtt tgaggttttt ttggtctgca tttttctttt tgattacaaa atttataatt 1860
taataaatac tagagtttat c 1881

```

<210> 51

<211> 358

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

```

Met Ala Gly Cys Gly Glu Ile Asp His Ser Ile Asn Met Leu Pro Thr
 1           5           10           15
Asn Arg Lys Ala Asn Glu Ser Cys Ser Asn Thr Ala Pro Ser Leu Thr
 20          25          30
Val Pro Glu Cys Ala Ile Cys Leu Gln Thr Cys Val His Pro Val Ser
 35          40          45
Leu Pro Cys Lys His Val Phe Cys Tyr Leu Cys Val Lys Gly Ala Ser
 50          55          60
Trp Leu Gly Lys Arg Cys Ala Leu Arg Arg Gln Glu Ile Pro Glu Asp
 65          70          75          80
Phe Leu Asp Lys Pro Thr Leu Leu Ser Pro Glu Glu Leu Lys Ala Ala
 85          90          95

```

59/175

Ser Arg Gly Asn Gly Glu Tyr Ala Trp Tyr Tyr Glu Gly Arg Asn Gly
 100 105 110
 Trp Trp Gln Tyr Asp Glu Arg Thr Ser Arg Glu Leu Glu Asp Ala Phe
 115 120 125
 Ser Lys Gly Lys Lys Asn Thr Glu Met Leu Ile Ala Gly Phe Leu Tyr
 130 135 140
 Val Ala Asp Leu Glu Asn Met Val Gln Tyr Arg Arg Asn Glu His Gly
 145 150 155 160
 Arg Arg Arg Lys Ile Lys Arg Asp Ile Ile Asp Ile Pro Lys Lys Gly
 165 170 175
 Val Ala Gly Leu Arg Leu Asp Cys Asp Ala Asn Thr Val Asn Leu Ala
 180 185 190
 Arg Glu Ser Ser Ala Asp Gly Ala Asp Ser Val Ser Ala Gln Ser Gly
 195 200 205
 Ala Ser Val Gln Pro Leu Val Ser Ser Val Arg Pro Leu Thr Ser Val
 210 215 220
 Asp Gly Gln Ser Thr Ser Pro Ala Thr Pro Ser Pro Asp Ala Ser Thr
 225 230 235 240
 Ser Leu Glu Asp Ser Phe Ala His Leu Gln Leu Ser Gly Asp Asn Thr
 245 250 255
 Ala Glu Arg Ser His Arg Gly Glu Gly Glu Glu Asp His Glu Ser Pro
 260 265 270
 Ser Ser Gly Arg Val Pro Ala Pro Asp Thr Ser Ile Glu Glu Thr Glu
 275 280 285
 Ser Asp Ala Ser Ser Asp Ser Glu Asp Val Ser Ala Val Val Ala Gln
 290 295 300
 His Ser Leu Thr Gln Gln Arg Leu Leu Val Ser Asn Ala Asn Gln Thr
 305 310 315 320
 Val Pro Asp Arg Ser Asp Arg Leu Gly Thr Asp Arg Ser Val Ala Gly
 325 330 335
 Gly Gly Thr Val Ser Val Ser Val Arg Ser Arg Arg Pro Asp Gly Gln
 340 345 350
 Cys Thr Val Thr Glu Val
 355

<210> 52

<211> 1824

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (208)...(1824)

<400> 52

gtgatccggg gagacaggaa cacgggcaag acagcgtgt gccaccgcot gcagggccgg 60
 ccgttcgtgg aggagtacat cccacacag gagatccagg tcaccagcat ccactggagc 120

60/175

tacaagacca cggatgacat cgtgaagggt gaagtctggg atgtagtaga caaaggaaaa 180
 tgcaaaaagc gaggcgacgg cttaaagatg gagaacgacc cccaggaggc ggagtctgaa 240
 atggcccttg atgctgagtt cctggaogtg tacaagaact gcaacggggt ggtcatgatg 300
 ttcgacatta ccaagcagtg gaccttcaat tacattctcc gggagcttcc aaaagtgcc 360
 acccacgtgc cagtgtgcgt gctggggaac taccgggaca tgggcgagca ccgagtcac 420
 ctgccggacg acgtgcgtga cttcatcgac aacctggaca gacctccagg ttctctctac 480
 ttccgctatg ctgagtcttc catgaagaac agcttcggcc taaagtaoct tcataagttc 540
 ttcaatatcc catctttgca gcttcagagg gagacgctgt tgcggcagct ggagacgaac 600
 cagctggaca tggacgccac gctggaggag ctgtcgggtgc agcaggagac ggaggaccag 660
 aactacggca tcttcttgga gatgatggag gctogoagcc gtggccatgc gtccccactg 720
 gcggctaacg ggcagagccc atccccgggc tcccagtcac cagtgggtgc tgcaggcgct 780
 gtgtccaagg ggagctccag ccccggcaca ccccagcccg cccacagct gcccctcaat 840
 gctgccccac catctctgtt gccccctgta ccacctcag aggccctgcc cccacctgag 900
 tgccccctag cccccgccc. acggcgacgc atcatctcta ggctgtttgg gacgtcacct 960
 gccaccgagg cagccccctc acctccagag ccagtcccgg ccgcacaggc cccagcaacg 1020
 gtccagagtg tggaggactt tgttctgac gaccgcctgg accgcagctt cctggaagac 1080
 acaacccccg ccagggaaga gaagaagggt ggggcaaagg ctgcccagca ggacagcgac 1140
 agtgatgggg aggccctggg cggcaacccg atggtggcag ggttccagga cgatgtggac 1200
 ctgcaagacc agccacgtgg gagtcccccg ctgcctgcag gcccgtccc cagtcaagac 1260
 atcactcttt cgagttagga ggaagcagaa gtggcagctc ccacaaaagg ccctgcccc 1320
 gctccccagc agtgtcaga gccagagacc aagtggctct ccataccagc ttogaagcca 1380
 cggaggggga cagctccac gaggaccgca gcacccccct ggccaggcgg tgtctctgtt 1440
 cgcacaggtc cggagaagcg cagcagcacc agggccccctg ctgagatgga gccggggaag 1500
 ggtgagcagg cctctctgtc ggagagtgc cccgaggggac ccattgctgc acaaagtctg 1560
 tccttcgtca tggatgaccc cgactttgag agcgagggat cagacacaca gcgcagggcg 1620
 gatgactttc ccgtgcgaga tgaccctcc gatgtgactg acgaggatga gggccctgcc 1680
 gagccgccc cccccccaa gctccctctc cccgccttca gactgaagaa tgactcgac 1740
 ctcttcgggc tggggtgga ggaggccgga ccaaggaga gcagttagga aggtaaggag 1800
 ggcaaaacc cctctaagga gaag 1824

<210> 53

<211> 539

<212> PRT

<213> Homo sapiens.

<400> 53

Met Glu Asn Asp Pro Gln Glu Ala Glu Ser Glu Met Ala Leu Asp Ala
 1 5 10 15
 Glu Phe Leu Asp Val Tyr Lys Asn Cys Asn Gly Val Val Met Met Phe
 20 25 30
 Asp Ile Thr Lys Gln Trp Thr Phe Asn Tyr Ile Leu Arg Glu Leu Pro
 35 40 45
 Lys Val Pro Thr His Val Pro Val Cys Val Leu Gly Asn Tyr Arg Asp
 50 55 60
 Met Gly Glu His Arg Val Ile Leu Pro Asp Asp Val Arg Asp Phe Ile
 65 70 75 80
 Asp Asn Leu Asp Arg Pro Pro Gly Ser Ser Tyr Phe Arg Tyr Ala Glu

62/175

465 470 475 480
 Ser Asp Val Thr Asp Glu Asp Glu Gly Pro Ala Glu Pro Pro Pro Pro
 485 490 495
 Pro Lys Leu Pro Leu Pro Ala Phe Arg Leu Lys Asn Asp Ser Asp Leu
 500 505 510
 Phe Gly Leu Gly Leu Glu Glu Ala Gly Pro Lys Glu Ser Ser Glu Glu
 515 520 525
 Gly Lys Glu Gly Lys Thr Pro Ser Lys Glu Lys
 530 535

<210> 54
 <211> 1518
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (8).. (1432)

<400> 54

gtatgctatg gatgcctttg taggaacctat ttggagcatg gctgccagcc ccagtggtc 60
 tcaacttttg gttggtttg aagatggatc ttgaaacta ttcaaatta cccagacaa 120
 aatccagttt gaaagaaatt ttgatoggca gaaaagtgc atcctgagtc tcagctggca 180
 tccctctggt acccacattg cagctggttc catagactac attagtgtgt ttgatgtcaa 240
 atcaggcagc gctgttcata agatgattgt ggacaggcag tatatgggcg tgtctaagcg 300
 gaagtgcacg gtgtgggttg tcgccttctt gtccgatggc actatcataa gtgtggactc 360
 tgcgtgggaag gtgcagttct gggactcagc cactgggacg cttgtgaaga gccatctcat 420
 cgctaattgt gacgtgcagt ccattgctgt agctgaccaa gaagacagtt tcgtgggtgg 480
 cacagccgag ggaacagtct tccattttca gctggtccct gtgacatcta acagcagtga 540
 gaagcagtgg gtgcggacaa aaccgttcca gcatacaact catgacgtgc gcactgttgc 600
 ccacagccca acagcgctga tatctggagg cactgacacc cacttagtct ttgctcctct 660
 catggagaag gtggaagtaa agaattacga tgccgctctc cgaataatca cctttcccca 720
 cogatgtctc atctcctgtt ctaaaaagag gcagcttctc ctcttccagt ttgtctatca 780
 cttagaactt tggcgaactg gatccacagt tgcaacagga acagtgagg ccattgtgt 840
 tttggcagtc agtccagatg ggaattggct agctgcatca ggtaccagt ctggagtcca 900
 tgtctacaac gtaaaacagc taaagcttca ctgcacggtg cctgcttaca atttccagt 960
 gactgotatg gctattgccc ccaataccaa caaccttgct atogctcatt cggaccagca 1020
 ggtatttgag tacagcatcc cagacaaaca gtatacagat tggagccgga ctgtccagaa 1080
 gcagggtttt caccaccttt ggctccaaag ggatactcct atcacacaca tcagttttca 1140
 tccaagaga cogatgcaca tccttctcca tgatgcctac atgttctgca tcattgacaa 1200
 gtcatgccc ctccaaaatg acaaaaacctt actctacaat ccatttctc ccacgaatga 1260
 atcagatgtc atccggaggc gcacagctca tgccttttaa atttctaaga tatataagcc 1320
 tctactcttc atggatcttt tggatgaaag aacactcgtg gcagtagaac ggctcttgga 1380
 tgacatcatt gtcagctcc caccacccat taaaagaag aaatttgaa cctaaaacag 1440
 ggcactgtct gtgtccttcc ttgaactgtc taccctgttg cttttcacia atcatggtaa 1500
 taaaacaagt tattcttg 1518

63/175

<210> 55
 <211> 475
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 55

```

Met Asp Ala Phe Val Gly Pro Ile Trp Ser Met Ala Ala Ser Pro Ser
 1          5          10          15
Gly Ser Gln Leu Leu Val Gly Cys Glu Asp Gly Ser Val Lys Leu Phe
 20          25          30
Gln Ile Thr Pro Asp Lys Ile Gln Phe Glu Arg Asn Phe Asp Arg Gln
 35          40          45
Lys Ser Arg Ile Leu Ser Leu Ser Trp His Pro Ser Gly Thr His Ile
 50          55          60
Ala Ala Gly Ser Ile Asp Tyr Ile Ser Val Phe Asp Val Lys Ser Gly
 65          70          75          80
Ser Ala Val His Lys Met Ile Val Asp Arg Gln Tyr Met Gly Val Ser
 85          90          95
Lys Arg Lys Cys Ile Val Trp Gly Val Ala Phe Leu Ser Asp Gly Thr
100          105          110
Ile Ile Ser Val Asp Ser Ala Gly Lys Val Gln Phe Trp Asp Ser Ala
115          120          125
Thr Gly Thr Leu Val Lys Ser His Leu Ile Ala Asn Ala Asp Val Gln
130          135          140
Ser Ile Ala Val Ala Asp Gln Glu Asp Ser Phe Val Val Gly Thr Ala
145          150          155          160
Glu Gly Thr Val Phe His Phe Gln Leu Val Pro Val Thr Ser Asn Ser
165          170          175
Ser Glu Lys Gln Trp Val Arg Thr Lys Pro Phe Gln His His Thr His
180          185          190
Asp Val Arg Thr Val Ala His Ser Pro Thr Ala Leu Ile Ser Gly Gly
195          200          205
Thr Asp Thr His Leu Val Phe Arg Pro Leu Met Glu Lys Val Glu Val
210          215          220
Lys Asn Tyr Asp Ala Ala Leu Arg Lys Ile Thr Phe Pro His Arg Cys
225          230          235          240
Leu Ile Ser Cys Ser Lys Lys Arg Gln Leu Leu Leu Phe Gln Phe Ala
245          250          255
His His Leu Glu Leu Trp Arg Leu Gly Ser Thr Val Ala Thr Gly Thr
260          265          270
Val Glu Ala Met Cys Leu Leu Ala Val Ser Pro Asp Gly Asn Trp Leu
275          280          285
Ala Ala Ser Gly Thr Ser Ala Gly Val His Val Tyr Asn Val Lys Gln
290          295          300
Leu Lys Leu His Cys Thr Val Pro Ala Tyr Asn Phe Pro Val Thr Ala
305          310          315          320
Met Ala Ile Ala Pro Asn Thr Asn Asn Leu Val Ile Ala His Ser Asp

```

64/175

	325		330		335
Gln Gln Val Phe Glu Tyr Ser Ile Pro Asp Lys Gln Tyr Thr Asp Trp					
	340		345		350
Ser Arg Thr Val Gln Lys Gln Gly Phe His His Leu Trp Leu Gln Arg					
	355		360		365
Asp Thr Pro Ile Thr His Ile Ser Phe His Pro Lys Arg Pro Met His					
	370		375		380
Ile Leu Leu His Asp Ala Tyr Met Phe Cys Ile Ile Asp Lys Ser Leu					
	385		390		400
Pro Leu Pro Asn Asp Lys Thr Leu Leu Tyr Asn Pro Phe Pro Pro Thr					
	405		410		415
Asn Glu Ser Asp Val Ile Arg Arg Arg Thr Ala His Ala Phe Lys Ile					
	420		425		430
Ser Lys Ile Tyr Lys Pro Leu Leu Phe Met Asp Leu Leu Asp Glu Arg					
	435		440		445
Thr Leu Val Ala Val Glu Arg Pro Leu Asp Asp Ile Ile Ala Gln Leu					
	450		455		460
Pro Pro Pro Ile Lys Lys Lys Lys Phe Gly Thr					
	465		470		475

<210> 56

<211> 2176

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26).. (709)

<400> 56

```

cggggcttct ggcgcgagg cgcgatgca gccgggcttc ccgagaacc tgagcaagot 60
gaagagcctc ctgaccacgc tccgcgccga ggacttgaac atcgcccgc gcaaggccac 120
actgcagccg ctgccgccca acctgcgcgc agtcacotac atgcacatct acgagacgga 180
cggcttcagc ctggcggtgt tctgtctcaa gagcggaacg tcoatccgc tgcaogacca 240
ccggggcatg cagggcatgc tcaaggtgct gtacggcacc gtgcgatca gctgcatgga 300
caagctagac gcgggcggcg ggcaacggcc gcgggccttg ccgcccgagc agcagttcga 360
gocgccgctg cagccccggg agcgagaagc cgtgcggcgc ggctgtgtgc gttcgcgggc 420
cgagtacacc gaggccagcg gccctgcat cctcacaccg caccgggaca acctgcacca 480
gatcgacgcc gtggaagggc ctgccgcctt cctggacatc ctggcccgc cctacgaccc 540
ggacgatggc cgggactgcc actattaccg ggtgtctggag ccggtcaggc ccaaggaggc 600
ctocagctog gcctgtgacc tgcctcgaga ggtgtggctc ctggagacc caccaggcca 660
tgacttcttg tgcgaggag aacctatcc aggtcccaag gtcttccctt gaagccactg 720
gcgcccagga gcggtgggc gaagacgtgc cctaccctac cacaagggtt gtgtctctac 780
cccctagcct gggcgttgga totactggaa tgagcagcag ccgttctc ggacgccttg 840
ggaagcacgg gcgactggac agcagccgc gccacgggtt atggggcgcc ggtggcgccg 900
gaggctagat tgtttcctgg tactgtcact gccactgggg ctttgatttg gaggaaatgg 960
gcaggggact atctgaagcg cttccatcct aaagccataa tgaaaatac ttcctctctt 1020

```

65/175

```

ccccattota tacaaaatac taagtggttt tcttgcctcc actccctacc ccttagtta 1080
atagggttta ttttccactc atgcccttat gccttttttt cttatagttt ttttaacttat 1140
tgactgtgca tgaccagtg gtttgaattg tttttagttc aagtcattgg taaaaactag 1200
gtttaaggag atgagctact gtttaaagtg agctggcctg cctaattaat tccttgtgaa 1260
aactaaatga ttttttcagt ttggggatca ttctcacaaac ataactatgc atgtagagga 1320
caagatttat tttctttcct ccttttgccc agtagccaca tctggtttac tcaggcagca 1380
tctactaaga aattcagcac ctgcatact ctgtgacatg gtcacttaga gottatcttc 1440
cctatgaatc tccagatctg tgagtcgagc agatttcatg ttgcagattc accttaatg 1500
caaagactgt attatcctca catgactttt tttcttgtct tactgtacct taaaagggtga 1560
tagagtaatt ctgtattttc taacgggaag attcaaagga gctgaatgtg ttatgcttcc 1620
aaacaactga atgtaaaaca ctctagcca gttgttgcat tccctatatt tatttacttc 1680
caatatttta ctgtaaaagt agggagaaat attatgttga tagttgttcc atattctctc 1740
aggaacttta atgttccoga ctgggtgat tccagctgtg ttgctggcag tgttgtctca 1800
acctctccc taaaatgaat gagccctggg ttcatotaat gtggttttcc ttagggaagag 1860
atagaaggoa cagaagatca cagctagaga attgagaatt aactatacta ctagccattt 1920
tagggcacca aaacttggga ttaaacactt cctacttccc actcccaact cctgaaatga 1980
agtcttgcta tctgtgacta gttttatttt tgtgctttta atagtccgag cagtottacc 2040
ttgtttacac atgtattgac accatttgc ttcaggccatg gagcaatgtt tctccctttt 2100
tactatttat aggattccgt tttttcacia gacttttaat aaaaagaaat tgtagaaata 2160
aacacattaa aatttg 2176

```

<210> 57

<211> 228

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 57

```

Met Gln Pro Gly Phe Pro Glu Asn Leu Ser Lys Leu Lys Ser Leu Leu
  1              5              10              15
Thr Gln Leu Arg Ala Glu Asp Leu Asn Ile Ala Pro Arg Lys Ala Thr
      20              25              30
Leu Gln Pro Leu Pro Pro Asn Leu Pro Pro Val Thr Tyr Met His Ile
      35              40              45
Tyr Glu Thr Asp Gly Phe Ser Leu Gly Val Phe Leu Leu Lys Ser Gly
      50              55              60
Thr Ser Ile Pro Leu His Asp His Pro Gly Met His Gly Met Leu Lys
      65              70              75              80
Val Leu Tyr Gly Thr Val Arg Ile Ser Cys Met Asp Lys Leu Asp Ala
      85              90              95
Gly Gly Gly Gln Arg Pro Arg Ala Leu Pro Pro Glu Gln Gln Phe Glu
      100             105             110
Pro Pro Leu Gln Pro Arg Glu Arg Glu Ala Val Arg Pro Gly Val Leu
      115             120             125
Arg Ser Arg Ala Glu Tyr Thr Glu Ala Ser Gly Pro Cys Ile Leu Thr
      130             135             140
Pro His Arg Asp Asn Leu His Gln Ile Asp Ala Val Glu Gly Pro Ala
      145             150             155             160

```

66/175

Ala Phe Leu Asp Ile Leu Ala Pro Pro Tyr Asp Pro Asp Asp Gly Arg
 165 170 175
 Asp Cys His Tyr Tyr Arg Val Leu Glu Pro Val Arg Pro Lys Glu Ala
 180 185 190
 Ser Ser Ser Ala Cys Asp Leu Pro Arg Glu Val Trp Leu Leu Glu Thr
 195 200 205
 Pro Gln Ala Asp Asp Phe Trp Cys Glu Gly Glu Pro Tyr Pro Gly Pro
 210 215 220
 Lys Val Phe Pro
 225

<210> 58
 <211> 2661
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (6)... (2045)

<400> 58
 tttgtatgag aggagacatg tgtccttttg atcatggaag tgatccagta gttgtagaag 60
 atgtgaatct tcttggtatg ctgcctttcc cagcacagcc tctgtttgtt gaaggaccac 120
 ctctctctgg actcccccca cctccaccaa ttcttacacc cccacctgtg aatctcaggc 180
 ccccagtacc accgccaggt ccattggcac ccagctctcc acctgttaca ggaccaccac 240
 ctccaatttc tcttttgacg ccattctggca tggatgctcc tccaaactct gcaaccagtt 300
 ctgttctctac tgtagtaaca actggcatto atcaccagcc tctctctgct ccacctctc 360
 tttttactgc agatacatat gacacagatg gctacaatcc tgaagcccca agcataacaa 420
 acacttccag acctatgtat agacacagag tgcattgcaca aaggcccaac ttgataggac 480
 taacatcagg ggatatggat ttgccaccca gagaaaagcc tcccaataaa agcagtatga 540
 ggatagtagt ggactcagaa tcaaggaaaa gaaccattgg ttctggagag cctggagttc 600
 ctacaaagaa gacttggttt gataaaccaa attttaatag aacaaacagc ccaggctttc 660
 agaagaaggt tcaatttga aatgaaaata ccaagcttga acttagaaaa gttcctccag 720
 aattaaataa tatcagcaaa cttaatgaac attttagtcg atttggaaac ttggttaact 780
 tacaggttgc ttataatggt gatcctgaag gtgcccta at ccaatttgca acatacgaag 840
 aagcaaagaa agcaatatca agtacggaag cagtattaaa caatcgcttt attaaggttt 900
 attggcacag agaaggaagc acccaacagt tacaaactac ttctccaaag gtaatgcagc 960
 ctttagtcca gcagcccatt ttgcctgttg tgaagcagtc agtcaaagag cggctgggtc 1020
 cagtaccttc aagtactatt gaacctgcag aagcccagag tgcctcttca gaccttcctc 1080
 aggtgttgct tacatctact ggccatacaa aaacagtgt taatccagct gctttgaagg 1140
 ctgcacagaa aaccttactt gtttccacct ctgcagtga taataatgaa gcacagaaaa 1200
 aaaaacagga ggcattgaaa cttcagcagg atgtaaggaa aaggaaacaa gaaattttag 1260
 aaaagcacat tgaaacacag aagatgttaa tttcaaaact ggagaaaaac aaaacaatga 1320
 agtctgaaga taaagcagaa ataatgaaaa ctttagaggt tttgacaaaa aatattacca 1380
 agttgaaaga tgaggtcaaa gctgcttctc ctggacgctg tcttccaaaa agtataaaaa 1440
 ccaagactca gatgcagaag gaattacttg acacagaact ggatttatat aagaagatgc 1500
 aggtctggaga agaagtcact gaacttagga gaaagtatac agaattacag ctggaagctg 1560

67/175

```

ccaaacgagg gattctttca tctggctcggg gcagaggaat tcattcaaga ggtcagagtg 1620
cagttcatgg ccgaggcagg gggcgagggc gagggcgagg tgtgcctggt catgctgtgg 1680
tggatcaccc tcccagggca ttggagattt ctgcatttac ggagagogat agagaagatc 1740
ttcttcctca ttttgcgcaa tatggtgaaa ttgaagattg tcagattgat gattcctcac 1800
ttcatgcagt aattacattc aagacaagag cagaagctga agcagctgca gttcatggag 1860
ctcgtttcaa agggcaagat ctaaaactgg catggaataa accagtaact aatatttcag 1920
ctgttgaaac agaagaagtt gggcctgatg aagaagaatt tcaggaagag tctttggtgg 1980
atgactcatt acttcaagat gatgatgaag aagaagagga caatgaatct cgttcttgga 2040
gaagatgatt tgactgatca ttgatctgca tatgctagaa ctctacctgt gtttcattag 2100
tattatctaa tgaactttta catatttgta aaaacaattt ttggtaaaat gtgatgaaga 2160
tggatttcac aaatagacaa aaaagaagaa aactaccttc tgatcttgta ttttgaaaga 2220
ttgatgtttg cattttactt cagtaaaca aactaccta catcacacta gaaacatatg 2280
caatgttttt attacatact tctactggac atcacagaat tctttgggtt ctttgaatt 2340
taatgaatag gtctgaaaac ttatgacc aaactgttat aacttagagg actttgttt 2400
attccaaata aggaatgaat ttgcatttaa aatcttaatg aatgttttca aaactgaata 2460
gataacatag tactctaact aaagtctcca agttatgtat tataatatta catagtagta 2520
tgottaggct ttactatgta ttaccctttt gttggactgt gtatgtattt taccataagg 2580
gttttaatga taatgggtga tgactgcttt acatgagtc ttatgcatcc agatgttata 2640
ataaagtga atggtctctt t

```

<210> 59

<211> 680

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

```

Met Arg Gly Asp Met Cys Pro Phe Asp His Gly Ser Asp Pro Val Val
  1           5           10           15
Val Glu Asp Val Asn Leu Pro Gly Met Leu Pro Phe Pro Ala Gln Pro
  20           25           30
Pro Val Val Glu Gly Pro Pro Pro Gly Leu Pro Pro Pro Pro
  35           40           45
Ile Leu Thr Pro Pro Pro Val Asn Leu Arg Pro Pro Val Pro Pro Pro
  50           55           60
Gly Pro Leu Pro Pro Ser Leu Pro Pro Val Thr Gly Pro Pro Pro Pro
  65           70           75           80
Leu Pro Pro Leu Gln Pro Ser Gly Met Asp Ala Pro Pro Asn Ser Ala
  85           90           95
Thr Ser Ser Val Pro Thr Val Val Thr Thr Gly Ile His His Gln Pro
 100           105           110
Pro Pro Ala Pro Pro Ser Leu Phe Thr Ala Asp Thr Tyr Asp Thr Asp
 115           120           125
Gly Tyr Asn Pro Glu Ala Pro Ser Ile Thr Asn Thr Ser Arg Pro Met
 130           135           140
Tyr Arg His Arg Val His Ala Gln Arg Pro Asn Leu Ile Gly Leu Thr
 145           150           155           160
Ser Gly Asp Met Asp Leu Pro Pro Arg Glu Lys Pro Pro Asn Lys Ser

```

165										170					175					
Ser	Met	Arg	Ile	Val	Val	Asp	Ser	Glu	Ser	Arg	Lys	Arg	Thr	Ile	Gly					
180										185					190					
Ser	Gly	Glu	Pro	Gly	Val	Pro	Thr	Lys	Lys	Thr	Trp	Phe	Asp	Lys	Pro					
195										200					205					
Asn	Phe	Asn	Arg	Thr	Asn	Ser	Pro	Gly	Phe	Gln	Lys	Lys	Val	Gln	Phe					
210										215					220					
Gly	Asn	Glu	Asn	Thr	Lys	Leu	Glu	Leu	Arg	Lys	Val	Pro	Pro	Glu	Leu					
225										230					235					
Asn	Asn	Ile	Ser	Lys	Leu	Asn	Glu	His	Phe	Ser	Arg	Phe	Gly	Thr	Leu					
245										250					255					
Val	Asn	Leu	Gln	Val	Ala	Tyr	Asn	Gly	Asp	Pro	Glu	Gly	Ala	Leu	Ile					
260										265					270					
Gln	Phe	Ala	Thr	Tyr	Glu	Glu	Ala	Lys	Lys	Ala	Ile	Ser	Ser	Thr	Glu					
275										280					285					
Ala	Val	Leu	Asn	Asn	Arg	Phe	Ile	Lys	Val	Tyr	Trp	His	Arg	Glu	Gly					
290										295					300					
Ser	Thr	Gln	Gln	Leu	Gln	Thr	Thr	Ser	Pro	Lys	Val	Met	Gln	Pro	Leu					
305										310					315					
Val	Gln	Gln	Pro	Ile	Leu	Pro	Val	Val	Lys	Gln	Ser	Val	Lys	Glu	Arg					
325										330					335					
Leu	Gly	Pro	Val	Pro	Ser	Ser	Thr	Ile	Glu	Pro	Ala	Glu	Ala	Gln	Ser					
340										345					350					
Ala	Ser	Ser	Asp	Leu	Pro	Gln	Val	Leu	Ser	Thr	Ser	Thr	Gly	Leu	Thr					
355										360					365					
Lys	Thr	Val	Tyr	Asn	Pro	Ala	Ala	Leu	Lys	Ala	Ala	Gln	Lys	Thr	Leu					
370										375					380					
Leu	Val	Ser	Thr	Ser	Ala	Val	Asp	Asn	Asn	Glu	Ala	Gln	Lys	Lys	Lys					
385										390					395					
Gln	Glu	Ala	Leu	Lys	Leu	Gln	Gln	Asp	Val	Arg	Lys	Arg	Lys	Gln	Glu					
405										410					415					
Ile	Leu	Glu	Lys	His	Ile	Glu	Thr	Gln	Lys	Met	Leu	Ile	Ser	Lys	Leu					
420										425					430					
Glu	Lys	Asn	Lys	Thr	Met	Lys	Ser	Glu	Asp	Lys	Ala	Glu	Ile	Met	Lys					
435										440					445					
Thr	Leu	Glu	Val	Leu	Thr	Lys	Asn	Ile	Thr	Lys	Leu	Lys	Asp	Glu	Val					
450										455					460					
Lys	Ala	Ala	Ser	Pro	Gly	Arg	Cys	Leu	Pro	Lys	Ser	Ile	Lys	Thr	Lys					
465										470					475					
Thr	Gln	Met	Gln	Lys	Glu	Leu	Leu	Asp	Thr	Glu	Leu	Asp	Leu	Tyr	Lys					
485										490					495					
Lys	Met	Gln	Ala	Gly	Glu	Glu	Val	Thr	Glu	Leu	Arg	Arg	Lys	Tyr	Thr					
500										505					510					
Glu	Leu	Gln	Leu	Glu	Ala	Ala	Lys	Arg	Gly	Ile	Leu	Ser	Ser	Gly	Arg					
515										520					525					
Gly	Arg	Gly	Ile	His	Ser	Arg	Gly	Arg	Gly	Ala	Val	His	Gly	Arg	Gly					
530										535					540					
Arg	Gly	Arg	Gly	Arg	Gly	Arg	Gly	Val	Pro	Gly	His									

69/175

545 550 555 560
 His Arg Pro Arg Ala Leu Glu Ile Ser Ala Phe Thr Glu Ser Asp Arg
 565 570 575
 Glu Asp Leu Leu Pro His Phe Ala Gln Tyr Gly Glu Ile Glu Asp Cys
 580 585 590
 Gln Ile Asp Asp Ser Ser Leu His Ala Val Ile Thr Phe Lys Thr Arg
 595 600 605
 Ala Glu Ala Glu Ala Ala Val His Gly Ala Arg Phe Lys Gly Gln
 610 615 620
 Asp Leu Lys Leu Ala Trp Asn Lys Pro Val Thr Asn Ile Ser Ala Val
 625 630 635 640
 Glu Thr Glu Glu Val Gly Pro Asp Glu Glu Phe Gln Glu Glu Ser
 645 650 655
 Leu Val Asp Asp Ser Leu Leu Gln Asp Asp Asp Glu Glu Glu Glu Asp
 660 665 670
 Asn Glu Ser Arg Ser Trp Arg Arg
 675 680

<210> 60
 <211> 2005
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (137).. (844)

<400> 60
 tggatttggg gattctacaa aaaaagacac tgaggttgag accttgaagc atgacactgc 60
 tgcagtcgat cggtccgtca agcgtctttt caaagttcgg agtgatcttg attttgctga 120
 gcaactgtgg tgcaaatga gcagtagtgt gatttcatac caagacttgg tgaagtgttt 180
 cacattgato atccagagtc tacaacgtgg tgatatacag ccatggctcc atagtggag 240
 taacagttta ctaagtaagc tcattcatca gtcttatcat ggaacctg acacagtttc 300
 tctcagtggt actattocag ttcaaatgct tttggaaatt ggtttggaca aactaaagaa 360
 agattatato agttttttca taggtcagga acttgcacat ttgaatcatt tggataactt 420
 cattgctcca tcagtagata tacaagaaca ggtttatcgt gtccaaaaac tccaccatat 480
 tctagaaata ttagtcagtt gcatgccttt cattaaatct caacatgaac tcttcttttc 540
 ttttaacacag atctgcataa agtattacaa acaaaatcct ctgatgagc aacacatttt 600
 tcagctgccg gtcagaccaa ctgctgtaaa gaacttatat caaagtgaga agccacagaa 660
 atggagagtg gaaatatata gtggtaaaaa gaagattaag acagtttggc aactgagtga 720
 cagctcacc ctagaccatc tgaattttca caaacctgat ttttcggaat taacactaaa 780
 cggtagcctg gaagaaagga tattctttac taacatggtt acctgcagcc aggtgcattt 840
 caagtgaagt gtgctgatga agtctctat aagcacaagc caaaaagaga aagagaaaaa 900
 aaggttaatta ttgtagaacc tgaaaacagc aatgtatgga aacctcaaa gcagaaaagg 960
 gaggaagatc ctgaagattc tcttatgaag ctccaaaatt gataatcctg tctcagctct 1020
 gcctcctcag gaggagcatt agtagaacag cagtgatgag gacacagagg gagcagacag 1080
 tgggtaccac gatctccgta accattttga tgtgacttag caagggtctt gaaatgacaa 1140

70/175

```

agagaacgag caccacaaat gagaacagga tcattttagt aaatacagct ttatcccaaa 1200
agctttaact gtattgggaa aacttaaaaa atagcatcct caaattttct gattottatt 1260
tgccatgaaa tagaacttag taaattaaat gttatttgaa aatgttataa gagotttgta 1320
aatatttcag aaaataiggg ataaatgcct gaatttgggt cttctacagg tgctataata 1380
aagtccatct ctcaataactt atactttcta aattcatctc agaataattag cagccatatt 1440
ccacagttcc tataatTTTT actggggggg atttgtgata ggaaagtcct tgggaaacat 1500
ttccaatctt tcaaaatatt attgtgtatc ttaagaagta taggaacttg tatgttgaaa 1560
tgttgtatgg tagttcttgt atagttaa ataatcttt ttaagagtta atgataagca 1620
tatgttatgt gcattattaa taaaatagtg gccacttagg taatacccac ttttatcttg 1680
tgtgtcgggt actctgggta ctgagataaa taaggcactg gacatcctca cgtggagttc 1740
acaggctcat cagtgaattc tgtaccacat ttcaaccttg tttattttag tttaatggaa 1800
tatacattct tagtattgcc tgattattta aatttgggta gggggattgc atgttgcttt 1860
attggcctgt aaaaatagct agtttggtaa gatttggctc cgcaccttcc atotttgcta 1920
ccacattaaa gatgagcttg ttaaaaagga aagcatattt ctotgattgc ctttatggag 1980
aaataaagat aaaattcaaa gaaac 2005

```

<210> 61

<211> 236

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 61

```

Met Ser Ser Ser Val Ile Ser Tyr Gln Asp Leu Val Lys Cys Phe Thr
  1             5             10             15
Leu Ile Ile Gln Ser Leu Gln Arg Gly Asp Ile Gln Pro Trp Leu His
  20             25             30
Ser Gly Ser Asn Ser Leu Leu Ser Lys Leu Ile His Gln Ser Tyr His
  35             40             45
Gly Thr Met Asp Thr Val Ser Leu Ser Gly Thr Ile Pro Val Gln Met
  50             55             60
Leu Leu Glu Ile Gly Leu Asp Lys Leu Lys Lys Asp Tyr Ile Ser Phe
  65             70             75             80
Phe Ile Gly Gln Glu Leu Ala Ser Leu Asn His Leu Glu Tyr Phe Ile
  85             90             95
Ala Pro Ser Val Asp Ile Gln Glu Gln Val Tyr Arg Val Gln Lys Leu
 100             105             110
His His Ile Leu Glu Ile Leu Val Ser Cys Met Pro Phe Ile Lys Ser
 115             120             125
Gln His Glu Leu Leu Phe Ser Leu Thr Gln Ile Cys Ile Lys Tyr Tyr
 130             135             140
Lys Gln Asn Pro Leu Asp Glu Gln His Ile Phe Gln Leu Pro Val Arg
 145             150             155             160
Pro Thr Ala Val Lys Asn Leu Tyr Gln Ser Glu Lys Pro Gln Lys Trp
 165             170             175
Arg Val Glu Ile Tyr Ser Gly Gln Lys Lys Ile Lys Thr Val Trp Gln
 180             185             190
Leu Ser Asp Ser Ser Pro Ile Asp His Leu Asn Phe His Lys Pro Asp

```

71/175

	195		200		205										
Phe	Ser	Glu	Leu	Thr	Leu	Asn	Gly	Ser	Leu	Glu	Glu	Arg	Ile	Phe	Phe
	210				215					220					
Thr	Asn	Met	Val	Thr	Cys	Ser	Gln	Val	His	Phe	Lys				
225					230					235					

<210> 62
 <211> 2279
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (97).. (1650)

<400> 62
 atgccgacgg actgtgtcgg gcgatgggca cgggcatttc ttctgtttata gctgtotgtt 60
 tgcattctga ttgggaacac tgggatcatt ttcatcatgc cgacagtggg ggtaattgat 120
 gtatcccttt ccatgacccg acctgtgtct attgaggggt ccgaggaata ccagcgtaag 180
 cacctagcag cccatgggtt aacgatgotg tttagacaca tggccacaaa ttacaagctt 240
 gaatttacag cacttgttgt tttttcatca ctttgggagt tgatgggtcc cttcacgaga 300
 gattataata ccctacagga agcaactaagt aatatggatg attatgacaa aacctgcttg 360
 gagtctgcot tagttgtgtt ttgcaatato gttcagcaag aatgggggtg tgcaattcct 420
 tggcagggtg tcttgggtgac agacggctgt cttggcatig gtagagggtc actgcgacat 480
 tccctagcca ctcaaaatca acgaagttag agcaacaggt ttccaactacc ttttcccttc 540
 ccactaagt tatatatcat gtgcattggcg aatttggagg agctccagag caccgattcc 600
 ttggaatgcc ttgaacgtct catatattta aacaatgggt aagggcagat ttttactatt 660
 gatggccccc tgtgtttgaa gaatgtacag tctatgtttg gaaaactgat agatttggca 720
 tatacgccct tccatgctgt tctcaagtgt ggccacctaa ctgctgatgt acaagtcttc 780
 cccaggccag aaccttttgt ttagatgaa gaaattgato ctatccctaa agtcattaac 840
 acagatttgg aaatagtggg atttattgat atagctgata tttcaagtcc cccagttctg 900
 tccagacatc tggctottacc tatagcactt aacaaagaag gtgatgaggt ggtactggc 960
 atcactgatg acaatgaaga tgaatttca gccaatcaga ttgcaggcaa aatacccaac 1020
 ttttgtgtcc tgtccatgg tagcctaaaa gtggaaggaa tggtagogat tgttcaatta 1080
 ggtcctgaat ggcattggaat gctctactcc caagctgaca gcaagaagaa atcaaacctc 1140
 atgatgtctc tctttgagcc tggcccagaa cctctcccat ggctagggaa aatggcacag 1200
 ttgggttcta tttcagatgc faaagaaaac cttatggog aggatgacaa taagagtcca 1260
 ttccccctgc agcccaaaaa caaacgcagt tatgcccaga atgtgactgt ctggatcaaa 1320
 cccagcggcc tgcagacaga tgtacagaag attttaagaa atgcaaggaa actacctgaa 1380
 aaaacacaga cattctataa ggagctgaac cgtttgcgaa aggcgcctct agccttttgt 1440
 ttcttggaac tgtgaaagg ggtggctgac atgctggaaa gggaatgcac actgctgcot 1500
 gagacagccc accctgatgc tgcattccag ctgacccatg ctgcccagca gctcaagctg 1560
 gccagtaccg gcacctctga gtatgccgct tatgaccaga acatcacacc ttgacacag 1620
 gacttctctg ggagcagcac tgaagaatt tgaactgac ttttggagct ttcttcttt 1680
 tttcatttca actgaaaatg ctttaggtta aaacctttcc agtatgttca cototagaat 1740
 agccacccaa agaccttctt gaggtgcct cagaagcacc acttgcgtgt ttgaatgact 1800
 ctactagtat gagaaggatg tgaagggtgt tggctggttg ggttttaact tcttgggatt 1860

72/175

cataattttt aagcttggaa gatagctgct gttcccatga tgggcacatt tctgagaag 1920
 cttgaatgac tgatgagcat agagcaccoc tgccttcctc aggaacctg accggcaggg 1980
 gotctctggc ttctgaaag cttcacctct tccctcgttt atatctcaac tgaaggga 2040
 ttttcaagct tctgttcag gaatgagcaa ctcagactgt ctggagcttg ctgagtacaa 2100
 acacaccacc actaagtttc agaactttcc ttagaacttg ggcaaatgt ggtggttaact 2160
 ctttaagtgt tttggtatct cttgagattc taacttttaa agagcaacca ttaatgtgta 2220
 aatgattcc tattattcaa ggtttttttt taatgaaaaa aaaatatttg attttctag 2279

<210> 63

<211> 518

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Met	Pro	Thr	Val	Val	Val	Met	Asp	Val	Ser	Leu	Ser	Met	Thr	Arg	Pro
1				5					10					15	
Val	Ser	Ile	Glu	Gly	Ser	Glu	Glu	Tyr	Gln	Arg	Lys	His	Leu	Ala	Ala
			20					25					30		
His	Gly	Leu	Thr	Met	Leu	Phe	Glu	His	Met	Ala	Thr	Asn	Tyr	Lys	Leu
	35						40					45			
Glu	Phe	Thr	Ala	Leu	Val	Val	Phe	Ser	Ser	Leu	Trp	Glu	Leu	Met	Val
	50					55					60				
Pro	Phe	Thr	Arg	Asp	Tyr	Asn	Thr	Leu	Gln	Glu	Ala	Leu	Ser	Asn	Met
	65				70					75					80
Asp	Asp	Tyr	Asp	Lys	Thr	Cys	Leu	Glu	Ser	Ala	Leu	Val	Gly	Val	Cys
				85					90					95	
Asn	Ile	Val	Gln	Gln	Glu	Trp	Gly	Gly	Ala	Ile	Pro	Cys	Gln	Val	Val
			100				105						110		
Leu	Val	Thr	Asp	Gly	Cys	Leu	Gly	Ile	Gly	Arg	Gly	Ser	Leu	Arg	His
		115					120					125			
Ser	Leu	Ala	Thr	Gln	Asn	Gln	Arg	Ser	Glu	Ser	Asn	Arg	Phe	Pro	Leu
	130					135					140				
Pro	Phe	Pro	Phe	Pro	Ser	Lys	Leu	Tyr	Ile	Met	Cys	Met	Ala	Asn	Leu
	145				150					155					160
Glu	Glu	Leu	Gln	Ser	Thr	Asp	Ser	Leu	Glu	Cys	Leu	Glu	Arg	Leu	Ile
			165						170					175	
Tyr	Leu	Asn	Asn	Gly	Glu	Gly	Gln	Ile	Phe	Thr	Ile	Asp	Gly	Pro	Leu
			180				185					190			
Cys	Leu	Lys	Asn	Val	Gln	Ser	Met	Phe	Gly	Lys	Leu	Ile	Asp	Leu	Ala
	195						200					205			
Tyr	Thr	Pro	Phe	His	Ala	Val	Leu	Lys	Cys	Gly	His	Leu	Thr	Ala	Asp
	210					215					220				
Val	Gln	Val	Phe	Pro	Arg	Pro	Glu	Pro	Phe	Val	Val	Asp	Glu	Glu	Ile
	225				230					235					240
Asp	Pro	Ile	Pro	Lys	Val	Ile	Asn	Thr	Asp	Leu	Glu	Ile	Val	Gly	Phe
				245					250					255	
Ile	Asp	Ile	Ala	Asp	Ile	Ser	Ser	Pro	Pro	Val	Leu	Ser	Arg	His	Leu

73/175

260 265 270
 Val Leu Pro Ile Ala Leu Asn Lys Glu Gly Asp Glu Val Gly Thr Gly
 275 280 285
 Ile Thr Asp Asp Asn Glu Asp Glu Asn Ser Ala Asn Gln Ile Ala Gly
 290 295 300
 Lys Ile Pro Asn Phe Cys Val Leu Leu His Gly Ser Leu Lys Val Glu
 305 310 315 320
 Gly Met Val Ala Ile Val Gln Leu Gly Pro Glu Trp His Gly Met Leu
 325 330 335
 Tyr Ser Gln Ala Asp Ser Lys Lys Lys Ser Asn Leu Met Met Ser Leu
 340 345 350
 Phe Glu Pro Gly Pro Glu Pro Leu Pro Trp Leu Gly Lys Met Ala Gln
 355 360 365
 Leu Gly Pro Ile Ser Asp Ala Lys Glu Asn Pro Tyr Gly Glu Asp Asp
 370 375 380
 Asn Lys Ser Pro Phe Pro Leu Gln Pro Lys Asn Lys Arg Ser Tyr Ala
 385 390 395 400
 Gln Asn Val Thr Val Trp Ile Lys Pro Ser Gly Leu Gln Thr Asp Val
 405 410 415
 Gln Lys Ile Leu Arg Asn Ala Arg Lys Leu Pro Glu Lys Thr Gln Thr
 420 425 430
 Phe Tyr Lys Glu Leu Asn Arg Leu Arg Lys Ala Ala Leu Ala Phe Gly
 435 440 445
 Phe Leu Asp Leu Leu Lys Gly Val Ala Asp Met Leu Glu Arg Glu Cys
 450 455 460
 Thr Leu Leu Pro Glu Thr Ala His Pro Asp Ala Ala Phe Gln Leu Thr
 465 470 475 480
 His Ala Ala Gln Gln Leu Lys Leu Ala Ser Thr Gly Thr Ser Glu Tyr
 485 490 495
 Ala Ala Tyr Asp Gln Asn Ile Thr Pro Leu His Thr Asp Phe Ser Gly
 500 505 510
 Ser Ser Thr Glu Arg Ile
 515

<210> 64

<211> 2155

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (65)..(1405)

<400> 64

gtcgcgacgg gggttcaggg aatatttact gggcctctcc gctccctctg ctottggagg 60
 tgccatgagg tcagttagct acgtgcagcg cgtggcgctg gatttcagcg ggagcctctt 120
 cccgcacgca atctgcctcg gagacgttga taacgatacg ttaaataaac tgggtggtggg 180

74/175

```

agacaccagc gggaagggtg ctgtgtataa aaatgatgac agtcggccat ggctcacctg 240
ttcctgccag ggaatgctga cttgcgctgg ggttggagac gtgtgtaata aaggaaagaa 300
cctgttgggtg gcagtgaagt ctgaaggctg gtttcatttg tttagacctg cacctgccaa 360
ggtgttggat gcttctgggc accacgagac actaatcgga gaggagcagc gtccagtctt 420
caagcagcac atccctgcc aacccaaggt catgctgac agcgacatcg atggagatgg 480
gtgtcgtgag ctggtgggtg gctacacaga ccgtgtggtg cgagctttcc gctgggagga 540
gctagggtgag ggtcctgaac atctgacagg gcagctgggtg tccctcaaga aatggatgct 600
ggagggtcag gtggacagcc tctcagtga tctggggcca ctgggtcttc ctgaactgat 660
ggtgtctcag ccaggttgtg cgtatgcaat tctactgtgt acctggaaaa aggacactgg 720
gtcccctcct gcctctgaag ggcccacgga tggtagtagg gagacccag ctgcccagga 780
cgtggtgctg caccagacat ctggccgtat ccacaacaag aatgtctcca ctcacctaata 840
tggcaacato aaacaaggcc accggcactga gtagtagtgg tctggcctct ttgccctgtg 900
caccctggat gggacactga agctcatgga agaaatggaa gaagcagaca agctgctgtg 960
gtcagtgcag gtggatcacc agctctttgc cctggagaaa ctggatgtca ccggcaacgg 1020
gcattgaggag gtagttgcat gcgcctggga tggacagaca tatatcattg atcacaaccg 1080
cacctgtgtc cgttccaag tggatgaaaa tatcgtgccc ttctgtgcgg gcctgtacgc 1140
ctgcaaaagag ggccgcaaca gcccctgcct cgtatatgtc actttcaacc agaagatcta 1200
tgtgtactgg gaggtgcagc tggagcggat ggagcttacc aatctggtga aactgctgga 1260
gaccaagccg gattaccaca gctgtgtgca ggagctgggc gtggatcctg acgacctccc 1320
tgtgactcgt gccctgcttc accaaacgct ctaccatcca gaccagccac cacagtgtgc 1380
tccctcaagc ctccaggatc ccacctagct gtacttgcct catagctggt gaaggattct 1440
tctgaacccc caccctaccc cctaaaggta tctgtggtat tggcaggata gggaatatgc 1500
attacagaaa tgcaggattt gactctgggc atgaaagatg gcagcagccc tagggtgacc 1560
gtgaactata gacctgcag tcttttcggt gaaagaagag acaagttgac cctctgcccc 1620
tttccttatg gacctaccc atcatgccag cagggtcata ggacctggc cttgttccaa 1680
atcatctggg acatgaoccc ctcccacgt tcaactgtgt gaaaacagag acttgtttgt 1740
gtggccccc aaccataag gaaaccaggc tttaggccca ggggagcagt ggaggtaagg 1800
gtccacccc atcttaagct ctgtcttcgg tggcacaatt ccaagttctt gacgttagta 1860
attgttaaag gaattgcaaa ctgttttgtt ttgaaggatc ttctacagt ctggtcttac 1920
ccatgttct agcaacctg agatgatctt ctccattta ccaaagcagc cgggtcagtg 1980
ccttctcag ttgccgtatt ctccaggtat tagtcagctt cagaagccct gctccattt 2040
ttccacccac ccattcccc ataaaacagc ttattgtctc caagacaata gacatttaaa 2100
atgtgatgcg ggtttatgat ccagaccaca atcagaatta tatcttgggt cattt 2155

```

<210> 65

<211> 447

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 65

```

Met Arg Ser Val Ser Tyr Val Gln Arg Val Ala Leu Glu Phe Ser Gly
  1           5           10           15
Ser Leu Phe Pro His Ala Ile Cys Leu Gly Asp Val Asp Asn Asp Thr
  20           25           30
Leu Asn Glu Leu Val Val Gly Asp Thr Ser Gly Lys Val Ser Val Tyr
  35           40           45
Lys Asn Asp Asp Ser Arg Pro Trp Leu Thr Cys Ser Cys Gln Gly Met

```

75/175

50		55		60
Leu Thr Cys Ala Gly Val Gly Asp Val Cys Asn Lys Gly Lys Asn Leu				
65	70	75	80	
Leu Val Ala Val Ser Ala Glu Gly Trp Phe His Leu Phe Asp Leu Thr				
	85	90	95	
Pro Ala Lys Val Leu Asp Ala Ser Gly His His Glu Thr Leu Ile Gly				
	100	105	110	
Glu Glu Gln Arg Pro Val Phe Lys Gln His Ile Pro Ala Asn Thr Lys				
	115	120	125	
Val Met Leu Ile Ser Asp Ile Asp Gly Asp Gly Cys Arg Glu Leu Val				
	130	135	140	
Val Gly Tyr Thr Asp Arg Val Val Arg Ala Phe Arg Trp Glu Glu Leu				
	145	150	155	160
Gly Glu Gly Pro Glu His Leu Thr Gly Gln Leu Val Ser Leu Lys Lys				
	165	170	175	
Trp Met Leu Glu Gly Gln Val Asp Ser Leu Ser Val Thr Leu Gly Pro				
	180	185	190	
Leu Gly Leu Pro Glu Leu Met Val Ser Gln Pro Gly Cys Ala Tyr Ala				
	195	200	205	
Ile Leu Leu Cys Thr Trp Lys Lys Asp Thr Gly Ser Pro Pro Ala Ser				
	210	215	220	
Glu Gly Pro Thr Asp Gly Ser Arg Glu Thr Pro Ala Ala Arg Asp Val				
	225	230	235	240
Val Leu His Gln Thr Ser Gly Arg Ile His Asn Lys Asn Val Ser Thr				
	245	250	255	
His Leu Ile Gly Asn Ile Lys Gln Gly His Gly Thr Glu Ser Ser Gly				
	260	265	270	
Ser Gly Leu Phe Ala Leu Cys Thr Leu Asp Gly Thr Leu Lys Leu Met				
	275	280	285	
Glu Glu Met Glu Glu Ala Asp Lys Leu Leu Trp Ser Val Gln Val Asp				
	290	295	300	
His Gln Leu Phe Ala Leu Glu Lys Leu Asp Val Thr Gly Asn Gly His				
305	310	315	320	
Glu Glu Val Val Ala Cys Ala Trp Asp Gly Gln Thr Tyr Ile Ile Asp				
	325	330	335	
His Asn Arg Thr Val Val Arg Phe Gln Val Asp Glu Asn Ile Arg Ala				
	340	345	350	
Phe Cys Ala Gly Leu Tyr Ala Cys Lys Glu Gly Arg Asn Ser Pro Cys				
	355	360	365	
Leu Val Tyr Val Thr Phe Asn Gln Lys Ile Tyr Val Tyr Trp Glu Val				
	370	375	380	
Gln Leu Glu Arg Met Glu Ser Thr Asn Leu Val Lys Leu Leu Glu Thr				
	385	390	395	400
Lys Pro Glu Tyr His Ser Leu Leu Gln Glu Leu Gly Val Asp Pro Asp				
	405	410	415	
Asp Leu Pro Val Thr Arg Ala Leu Leu His Gln Thr Leu Tyr His Pro				
	420	425	430	
Asp Gln Pro Pro Gln Cys Ala Pro Ser Ser Leu Gln Asp Pro Thr				

76/175

435

440

445

<210> 66
 <211> 1793
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (152).. (760)

<400> 66

```

aaaaaaaaa aaaaaaaaaat ataatccaca cctactactc aataccttag aaaatcttcg 60
ottccctaata aatgttgaac cagttacaaa togttttatt acacagtggc ttaatgatgt 120
tgactgtttc ttggggcttc atgacagaaa gatgtgtgtt ctggactct gtgctcttat 180
tgatatggaa cagatacccc aagttttaaa tcaggtttct ggacagattt tgccggcttt 240
tatcctttta tttaacggat tgaaaagagc atatgcctgc catgcagaac atgagaatga 300
cagtgatgat gatgatgaag ctgaagatga tgatgaaacc gaggaactgg ggagtgatga 360
agatgatatt gatgaagatg ggcaagaata ttgggagatt ctggctaagc aggctggtga 420
agatggagat gatgaagatt gggaagaaga tgatgctgaa gagactgctc tggaaggcta 480
ttccacaatc attgatgatg aagataaccc tgttgatgag tatcagatat ttaaagctat 540
ctttcaaaact attcaaaaatc gtaatcctgt gtggtatcag gcactgactc acggtcttaa 600
tgaagaacaa agaaaacagt tacaggacat agcaactctg gotgatcaaa gaagagcagc 660
coatgaatcc aaaatgattg agaagcatgg aggatacaaa ttcagtgtc cagttgtgcc 720
aagttctttc aattttggag gcccagcacc agggatgaat tgagttatct ctttctttcc 780
tgctgtgtgc ttgtagtga gagcttgtgt tctccttagt agtggttcca gaactggttc 840
atgttatcta ttctaaacta ataatcaata gatggacaaa agaaacaaca accccaggag 900
atgggacctg atcatgcaac ctggcactgg aaaagaaatc agcgggattt tgggggtggg 960
ggggatggga ggtaccttag agggagtatt ttcttttatt ttgaagaaa gtaagatcct 1020
gactotgaag cttcaaagt acactgtgga aatctgaaac gaggggatgt catgaaggca 1080
gottttcttt ttctgaggaa aaaataggca tgggctacag gactatttaa aatgtctcat 1140
ttacagtata aaactcaaag gtagatgtaa tttttacacc tatgagtatt tgtccaattt 1200
ctgtctcttc ctcaccattg ggtatctatt ctttatatgt aaataagata aggtcatctg 1260
atagccttat tcagtcttca tcattttcat cattgttccat atgtagatta ttggacattt 1320
attgtagcac tacataactg attataaaaa totgtaaatg aattagcaact ttcatatgta 1380
aacaagcctg ctagcctatg tataaaatag caaatgttt gctgtttata aaaagatgta 1440
atgggggtggg gggcaggggt aatttcaagt tattaattta aaaatgaact agcaattttg 1500
tacctggtga ctttgtgtg cactcacctc tgatagtgaac ttgaattcgg tatgtaaaaa 1560
ggggttagtg gtatttcatt gctgctaaaa atgacaactc cctctgtgtc ctgtttttct 1620
taaagctgtc agtgtacaag tgggtatttg aataccagac cttactgtaa aaaataaaaa 1680
aggtggtatc tagagcatgt aaattggata taaagttctg ctottaaga gttgatotaa 1740
gagtatggct aaacatctat atatgcaatc tattaagaaga acttaattcg gct 1793

```

<210> 67
 <211> 203
 <212> PRT

77/175

<213> Homo sapiens

<400> 67

```

Met Cys Val Leu Gly Leu Cys Ala Leu Ile Asp Met Glu Gln Ile Pro
 1           5           10           15
Gln Val Leu Asn Gln Val Ser Gly Gln Ile Leu Pro Ala Phe Ile Leu
      20           25           30
Leu Phe Asn Gly Leu Lys Arg Ala Tyr Ala Cys His Ala Glu His Glu
      35           40           45
Asn Asp Ser Asp Asp Asp Asp Glu Ala Glu Asp Asp Asp Glu Thr Glu
      50           55           60
Glu Leu Gly Ser Asp Glu Asp Asp Ile Asp Glu Asp Gly Gln Glu Tyr
      65           70           75           80
Leu Glu Ile Leu Ala Lys Gln Ala Gly Glu Asp Gly Asp Asp Glu Asp
      85           90           95
Trp Glu Glu Asp Asp Ala Glu Glu Thr Ala Leu Glu Gly Tyr Ser Thr
      100          105          110
Ile Ile Asp Asp Glu Asp Asn Pro Val Asp Glu Tyr Gln Ile Phe Lys
      115          120          125
Ala Ile Phe Gln Thr Ile Gln Asn Arg Asn Pro Val Trp Tyr Gln Ala
      130          135          140
Leu Thr His Gly Leu Asn Glu Glu Gln Arg Lys Gln Leu Gln Asp Ile
      145          150          155          160
Ala Thr Leu Ala Asp Gln Arg Arg Ala Ala His Glu Ser Lys Met Ile
      165          170          175
Glu Lys His Gly Tyr Lys Phe Ser Ala Pro Val Val Pro Ser Ser
      180          185          190
Phe Asn Phe Gly Gly Pro Ala Pro Gly Met Asn
      195          200

```

<210> 68

<211> 2160

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (115).. (1146)

<400> 68

```

gtcgcgagag gttgttogcg ccttgagagt taagogaagt gtggtggcct ccaaggaata 60
caaacataaa ggccttogac cgttgcaaat agactaaagt gaaaacaaat ctgaatgaag 120
atgaagttat ttcagaccat ttgcaggcag ctcaggagtt caaagttttc tgtggaatca 180
gctgcccttg tggttttctc tacttctctt tactcatgtg gccggaagaa aaaagtgaac 240
ccatatgaag aagtggacca agaaaaatac tctaatttag ttcagtctgt cttgtcatcc 300
agaggcgtcg ccagacccc gggatcgggtg gaggaagatg ctttgctctg tggaccggtg 360
agcaagcata agctgccaaa ccaaggtgag gacagacgag tgccacaaaa ctggtttcct 420

```


78/175

```

atcttcaatc cagagagaag tgataaacca aatgcaagt atccttcagt tcctttgaaa 480
atccccttgc aaaggaatgt gataccaagt gtgacccgag tccttcagca gaccatgaca 540
aaacaacagg ttttcttggt ggagaggtgg aaacagcgga tgattctgga actgggagaa 600
gatggcctta aagaatacac ttcaaacgtc tttttacaag ggaaacgggt ccacgaagcc 660
tiggaagaca tactttcacc ccaggaaacc ttaaaagaga gagatgaaaa tctcctcaag 720
tcitggttaca ttgaaagtgt ccagcatatt ctgaaagatg tcagtggagt gcgagotctt 780
gaaagtgctg ttcaacatga aaccttaaac tatataggtc tgctggactg tgtggctgag 840
tatcagggca agctctgtgt gattgattgg aagacatcag agaaacccaa gccttttatt 900
caaagtacat ttgacaaccc actgcaagtt gtggcataca tgggtgccat gaacctgat 960
accaactaca gctttcaggt tcaatgtggc ttaattgttg tggcctacaa agatggatca 1020
cctgcccacc cacatctcat ggatgcagag ctctgttccc agtactggac caagtggctt 1080
cttcgactag aagaatatac ggaaaagaaa aagaaccaga atattcagaa accagaatat 1140
tcagaatagg gagcaagttg ctatttggga acattcagca ccttctcaca gtttggtaac 1200
atatattgct gtttactcca gtgtaaaaat gaggtgccac tggatctgag tgctacacga 1260
acacaagtag aagtattaat ttgttgaaat gtgtgtttac caaaaagact gaaaagcccc 1320
aaagtctaga tataaagacc tagacttcgg cagcgaaaat cccagctatg ctacctotta 1380
ttacctgaa aggaggacac gcaggatggg cagtcatgct ggtgaacttt gtactccctt 1440
gagggacatt gggggggggg gggcgtggtc ccaggcagga tgcccagctt ttgagctgag 1500
attggaaggg agtgaggctg agggtgccaa gatttcccca gggttcacc agaggggaag 1560
gggctacatg cccccagctg tgtgcaggga ggacacatca gcccactacc gctgccaaca 1620
ccaatgccta aaacttggtt catacattgg ggttttctat atatttcagc tgggaaaagc 1680
ttacatttaa ccttttgaaa aaataaatac gtgattagcc tcaactaaac attgtgact 1740
ataaagacag tatattcacc atgtcgtg caatatgtcg ttgcgtaaca ccaataaacc 1800
cccagaagt agccagaggc cagtttgaac atcacaattc taagtgttt agtaactatt 1860
tctggcgtga gtcaacagat catgtagata gagtcaatta ttgtttgtgg agtttttcag 1920
ctatagggga ggggaactat taaaatccat ttgtttctat tcaataggta ataaaaatta 1980
gttgtccctg ggtttgggaa acttaaatgc ccattacagc cctggggaag ggttttctgt 2040
cttatggagt gagtcttagc atttaagtta tacagttgct gccttaaaat agtagcctgc 2100
tacaatgact tctttgggta gccattttca taagaaataa aatacaagat atgagtaatg 2160

```

<210> 69

<211> 344

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 69

```

Met Lys Met Lys Leu Phe Gln Thr Ile Cys Arg Gln Leu Arg Ser Ser
 1           5           10           15
Lys Phe Ser Val Glu Ser Ala Ala Leu Val Ala Phe Ser Thr Ser Ser
          20           25           30
Tyr Ser Cys Gly Arg Lys Lys Lys Val Asn Pro Tyr Glu Glu Val Asp
          35           40           45
Gln Glu Lys Tyr Ser Asn Leu Val Gln Ser Val Leu Ser Ser Arg Gly
          50           55           60
Val Ala Gln Thr Pro Gly Ser Val Glu Glu Asp Ala Leu Leu Cys Gly
          65           70           75           80
Pro Val Ser Lys His Lys Leu Pro Asn Gln Gly Glu Asp Arg Arg Val

```

										85					90					95									
Pro	Gln	Asn	Trp	Phe	Pro	Ile	Phe	Asn	Pro	Glu	Arg	Ser	Asp	Lys	Pro														
				100				105				110																	
Asn	Ala	Ser	Asp	Pro	Ser	Val	Pro	Leu	Lys	Ile	Pro	Leu	Gln	Arg	Asn														
				115				120				125																	
Val	Ile	Pro	Ser	Val	Thr	Arg	Val	Leu	Gln	Gln	Thr	Met	Thr	Lys	Gln														
				130				135				140																	
Gln	Val	Phe	Leu	Leu	Glu	Arg	Trp	Lys	Gln	Arg	Met	Ile	Leu	Glu	Leu														
				145				150				155				160													
Gly	Glu	Asp	Gly	Phe	Lys	Glu	Tyr	Thr	Ser	Asn	Val	Phe	Leu	Gln	Gly														
				165				170				175																	
Lys	Arg	Phe	His	Glu	Ala	Leu	Glu	Ser	Ile	Leu	Ser	Pro	Gln	Glu	Thr														
				180				185				190																	
Leu	Lys	Glu	Arg	Asp	Glu	Asn	Leu	Leu	Lys	Ser	Gly	Tyr	Ile	Glu	Ser														
				195				200				205																	
Val	Gln	His	Ile	Leu	Lys	Asp	Val	Ser	Gly	Val	Arg	Ala	Leu	Glu	Ser														
				210				215				220																	
Ala	Val	Gln	His	Glu	Thr	Leu	Asn	Tyr	Ile	Gly	Leu	Leu	Asp	Cys	Val														
				225				230				235				240													
Ala	Glu	Tyr	Gln	Gly	Lys	Leu	Cys	Val	Ile	Asp	Trp	Lys	Thr	Ser	Glu														
				245				250				255																	
Lys	Pro	Lys	Pro	Phe	Ile	Gln	Ser	Thr	Phe	Asp	Asn	Pro	Leu	Gln	Val														
				260				265				270																	
Val	Ala	Tyr	Met	Gly	Ala	Met	Asn	His	Asp	Thr	Asn	Tyr	Ser	Phe	Gln														
				275				280				285																	
Val	Gln	Cys	Gly	Leu	Ile	Val	Val	Ala	Tyr	Lys	Asp	Gly	Ser	Pro	Ala														
				290				295				300																	
His	Pro	His	Leu	Met	Asp	Ala	Glu	Leu	Cys	Ser	Gln	Tyr	Trp	Thr	Lys														
				305				310				315				320													
Trp	Leu	Leu	Arg	Leu	Glu	Glu	Tyr	Thr	Glu	Lys	Lys	Lys	Asn	Gln	Asn														
				325				330				335																	
Ile	Gln	Lys	Pro	Glu	Tyr	Ser	Glu																						
340																													

<400>	70						
ttttagaatg	gcacatcata	tctcattgat	gccaacatgg	ttttgtccat	ggtttctgact	60	
ttctgtgaag	gcaccagcgt	gcaatatgcc	atcccatttc	accttgcatg	tgagacagca	120	
aacaaaatcc	acaaatgggtg	tgaactaata	tgtctggctgc	taccttgcat	aaattaatga	180	
tttgatcaca	cgggttccttc	gtggggttac	atctgtgaat	agcctgtttt	ccacatgtaa	240	
atttgtgcct	tacaccttga	gttgtgtaca	cttgtaaact	ctttatgato	aactgttccc	300	
ccttttgaaa	taagtgcaga	tattttattta	accctccctt	ccccaccctc	tgccccactt	360	
ccagccctct	gaaagattgg	agtcaagcag	atggaagaat	gcagtggtga	tagttgtcat	420	

80/175

```

gcgacagcct gagaacgctg ggcagcacca caccctccaa ttcacactgc cttctagttg 480
tgccaactgg aaccaccctt tggctgtgct gcgaagcatg gaccccagtg ttgttgtggg 540
tgtgtcaaat cccctttcat cctcaagagc tccctgcttc ccttagatta tttcaatacg 600
gtgatatcct tatttgctag cagaaaaggg actaacgtcc cattcctctt ttctgtctgc 660
tccactggct agagagcagg cgggtgcgcg ttgggcagac acctgggagg agtctccaag 720
ccatgtgcac agcacacacg tgcagtgcac acaaaagaaat gacatggaaa tagatgcagg 780
caggctggtc cctgtctgta ttaacgagta actccaagta caaggcogac cacaatggat 840
gctgcaaaaa cgttgactgg ggcaaaggat tttttatttt attttttatt ttgttaatta 900
tgtttttagg ggatgggagg tgggtgtgtt ttttctctc ttggttttca ttgtctcaag 960
cacacaaaag ggaactttgt ttaactatc atgaacaaag gaactgtcca catactgtaa 1020
accatgagca gtgttgttgt tgttttttta aacagtatat ttggtgtctt ctttgtctgc 1080
ttttatttcc agttgatctt tctgggttta gtttgtctt taaaaagaat tcaaaaaaag 1140
actgacaatg acagttttga gttggatagt taaaaaagtg gagcctccat aatcagtggt 1200
gttgccctta gacctgagta cttagctgag ggtgggtgag agcccttgt tccaaaagtc 1260
cattagtttt gctgttattt aggagtaggt ggtgttgtt gtttttactt tttttttttt 1320
tggcttttgt aatggaatcc atgttcacat cctgtgaact ctgtctctg aaacctgaa 1380
gtatttccta gaacctgaaa taattgtttc ttcttgaat ttctctaga aatgcagaaa 1440
ttaggaaggt gatgggtctg tatccccctg ccccttctt tcccatgctt gactcccag 1500
agtactggca gtgcagcacc catcattgac gtaagcggct gtctgtcca gtgtttgtag 1560
gcacacatgc ctcagctgtt aaggagacct gtgtcaaac ttacatccac attcctacac 1620
ccccacaacc catcacttct ggtgttaacc ctaaaatacc cacatgtatt gagctggtct 1680
tctgcattta agtattttc cccagttttt ttccctactg tgtgtggggg gaggttccat 1740
aaacccgagt gtgcctttgc ttccaccct tctagacac tggtagatgc aacaaactca 1800
gatttatatt tgtgttaaag ttgtaaaaat attgtgatgt caccaatttt ctttccatct 1860
ccacatcccc taacatctga ttcacgaatt aatgtatgtt gtaagaaaag aaaaaagaaa 1920
agaaaaaaag gaaaaaaaga aaagcaagga aaaggctctt tattacttaa aagtaataaa 1980
acctgactgt tctatatt

```

<210> 71

<211> 1763

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (540).. (1529)

<400> 71

```

gatgoggctg tgattgctga attgtctggg caggttttga gtctctggca agctcccctg 60
actgtgcac cctctggaga cgaagaggag ggggaggcct gtctctctg ggatccattg 120
gtcacatccc cctgaggatt cccgaatgcc tacctccagt gtctcaaca tggagtctg 180
aagtccatgt ggctcttcac agtgaatcag gtgttaagga agatgcagag acgccacagc 240
agcaacacgg ataacattcc acctgaaagc tgtgaccaag gctggccct ctggggaact 300
gggggccatt gaacttgaag actgcagagc cagcggtcct tgggatccc agaaaccgca 360
gccaggcgct cagctccgag gcgagtgtgg atgaaggtgg cgtctttgag agtctgaagg 420
cagaggcagc ctccccacca gcgctcttct ogggcttate aggcagcctc cccaccagct 480
cgttcccctc cagcctgtgt ctgggtcctt oggttggcgg oggggacgtg ttcattccaga 540

```

81/175

```

tgcccgctc cagggaggaa ggagggggcc ggggcgaggg gggcgccctac caccaccgcc 600
agccccacca ccatttcac catgggggcc accggggggg ctccctgctg cagcacgtgg 660
gtgggggacca cggggggcac tcggaggagg gaggcgacga gcagcctggg acggccggcc 720
ccgcccgtgc cgagctgaag gctgtgatct gctggctcca gaaaggactc cccttcatcc 780
tgatcctcct ggccaaactg tgctttcagc ataagctcgg cattgctgtg tgcatcggga 840
tggccagcac cttgcctat gccaaactcca cgttcgaga acaggtctca ctgaaggaga 900
agaggtcagt gctggtcatc ttgtggatcc tggcctttct ggcggggaac accctctatg 960
tgctttatac attcagctcc cagcagctgt acaacagcct catattcctg aagcccaacc 1020
tggagatgct ggacttcttt gacctgtat ggattgtggg gatcgcagac tttgttctga 1080
agtacatcac catcgccctc aagtgcctca tcgtggccct gcccaagatc atcctggcgg 1140
tcaagtccaa gggaaagtic tatctggta tcgaggagct gagccagctg ttccgatccc 1200
ttgtcccat ccagctgtgg tacaataca tcatgggtga cgaactctcc aacagctact 1260
tcctgggggg ggtcctgatc gttctctaca gcctctgcaa gtccctcgac atctgtggac 1320
gtgtggggcg agttaggaaa gccctgaagc ttctotgtac ctctcagaac tatggagtcc 1380
gagccaccgg gcagcagtc acagaagctg gtgacatctg cgccatctgt caggccgagt 1440
tcgagagacc tctgattctc ctgtgccaga tgotgttgaa ggggcacaag aaattggagc 1500
tggagaagat tgatgaaagt gcaggtgtgt aaggaaatag aacagtctgc tgggagtcag 1560
acctggaatt ctgattccaa actctttatt actttgggaa gtcactcagc ctccccgtag 1620
ccatctccag ggtgacggaa cccagtgtat tacctgctgg aaccaaggaa actaacaatg 1680
taggttaacta gtgaataccc caatggtttc tccaattatg cccatgccac caaacaata 1740
aaacaaaatt ctctaacaact gat 1763

```

<210> 72

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 72

```

Met Pro Ala Ser Arg Glu Glu Gly Gly Gly Arg Gly Glu Gly Gly Ala
  1          5          10          15
Tyr His His Arg Gln Pro His His His Phe His His Gly Gly His Arg
  20          25          30
Gly Gly Ser Leu Leu Gln His Val Gly Gly Asp His Arg Gly His Ser
  35          40          45
Glu Glu Gly Gly Asp Glu Gln Pro Gly Thr Pro Ala Pro Ala Leu Ser
  50          55          60
Glu Leu Lys Ala Val Ile Cys Trp Leu Gln Lys Gly Leu Pro Phe Ile
  65          70          75          80
Leu Ile Leu Leu Ala Lys Leu Cys Phe Gln His Lys Leu Gly Ile Ala
  85          90          95
Val Cys Ile Gly Met Ala Ser Thr Phe Ala Tyr Ala Asn Ser Thr Leu
 100          105          110
Arg Glu Gln Val Ser Leu Lys Glu Lys Arg Ser Val Leu Val Ile Leu
 115          120          125
Trp Ile Leu Ala Phe Leu Ala Gly Asn Thr Leu Tyr Val Leu Tyr Thr
 130          135          140
Phe Ser Ser Gln Gln Leu Tyr Asn Ser Leu Ile Phe Leu Lys Pro Asn

```

82/175

145		150		155		160									
Leu	Glu	Met	Leu	Asp	Phe	Phe	Asp	Leu	Leu	Trp	Ile	Val	Gly	Ile	Ala
		165		170		175									
Asp	Phe	Val	Leu	Lys	Tyr	Ile	Thr	Ile	Ala	Leu	Lys	Cys	Leu	Ile	Val
		180		185		190									
Ala	Leu	Pro	Lys	Ile	Ile	Leu	Ala	Val	Lys	Ser	Lys	Gly	Lys	Phe	Tyr
		195		200		205									
Leu	Val	Ile	Glu	Glu	Leu	Ser	Gln	Leu	Phe	Arg	Ser	Leu	Val	Pro	Ile
		210		215		220									
Gln	Leu	Trp	Tyr	Lys	Tyr	Ile	Met	Gly	Asp	Asp	Ser	Ser	Asn	Ser	Tyr
		225		230		235									
Phe	Leu	Gly	Gly	Val	Leu	Ile	Val	Leu	Tyr	Ser	Leu	Cys	Lys	Ser	Phe
		245		250		255									
Asp	Ile	Cys	Gly	Arg	Val	Gly	Gly	Val	Arg	Lys	Ala	Leu	Lys	Leu	Leu
		260		265		270									
Cys	Thr	Ser	Gln	Asn	Tyr	Gly	Val	Arg	Ala	Thr	Gly	Gln	Gln	Cys	Thr
		275		280		285									
Glu	Ala	Gly	Asp	Ile	Cys	Ala	Ile	Cys	Gln	Ala	Glu	Phe	Arg	Glu	Pro
		290		295		300									
Leu	Ile	Leu	Leu	Cys	Gln	Met	Leu	Leu	Lys	Gly	His	Lys	Lys	Leu	Glu
		305		310		315									
Leu	Glu	Lys	Ile	Asp	Glu	Ser	Ala	Gly	Val						
		325		330											

<210> 73

<211> 3493

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (40)..(396)

<400> 73

```

agaccggaaa cggaggagag cgcgggggat gtgtttggca tggggacgca ctgttacagt 60
tgogctcctg gttggctttg tgtttccgag gtgttggtag agtctcgggt tttctacctc 120
ttagcaccct ttcctgcaac cttttgttct gtggaagccc ggagacatca gcggctgcaa 180
ttttgtact cgtgtctcgg catggaacgg tcaggtaccg cagttcagcg ctcttggccc 240
cgcaggctct cgggcatccc cgtgcccgtg gctgtacatt cagttatcct ccgacttccc 300
ggggtogaag gtattacctg ctgggtttta gaattattt ctttacatct gagaaaagaa 360
aaatcccaga aagataagat gacttgccca agatcatagc gtgcctggaa gacagtgtct 420
cgattacaag ctggctcgtg tgcctcattc gtctgtcat caactcctgt cagtttatcc 480
aagctccaaa agcgaagttg ttttagotit tgcctccaa gatttatitg atagtctcat 540
ttctgtttcc ttctgtttatt ctttcttcca ttattggaaa actttacagc gtgccagtac 600
tggtcataaa ccccgatgtg tcttaggcct tagtgagctg tgaggtgcat gaccttaggt 660
aagttacttc tctgattttc agtttcccta tctgcaaaat ggagacctta gggagttaat 720
gtgggtatga gaaatgtaca taaaacatat tgcacaaggt gaggcatgta gtgtatgcta 780

```

ataaatggta agttgctgct gctatggttg ttaacaataa ttataaaaag caaatggaaa 840
aggottgaat tgaaaaaaat ttagacacat agttttttto cttattagcc tgcactgtat 900
ttttcatttt ttttaatgca tctttccagg acaaaaaata atatccaaag atattttggc 960
actaacagcg ctatctgtag caagaaagt gagcagtgtg aactgttgag acttccaaga 1020
agacttcaga gaaccaagac agtgtaaagg aaaacaggaa aaaagacttg ttagacatta 1080
ttaagggcac gaaagttaga ttgagcacag taaatgtaca aacaacaaag ccaccaaca 1140
gaagtccact taaaagctac aactggcccg cctcaaagag ctacagagca tgctccaaag 1200
aagagaaatg agccogtgag tcctgagttg gtggcagctg catctgctgc tctgttttga 1260
caagcaaaca agccagaact gctcaggcag ctccgtagca tgaggaggag tcaggggcac 1320
agagagatgg agagagacct agttagagag cgaacctagt gctggattta gccagtcctg 1380
catttttcta tacttcaa ataaacgggc catgtttcac atctacccat gatgaatagg 1440
ggtactttga ttaagaataa atagagctga ctgaattotg aacaagaaaa acatattcaa 1500
ggggaagaga tgtaatatgt ttgacgtgac gacagttact aaagaagcac ctgaacagac 1560
acatcacctt cactttggga tgtggaattt gctaaataag ccacagaaaa tgaacatccc 1620
ttcagaatgg gtttgaagag ctgatccagt ggattaaaga ggggaaactg ggagtttcca 1680
gttaacaatg aagcaggago tgactaaggo tttggaacag aaaccagatg atgcacaata 1740
ttattgtcaa agagcttatt gtcacattct tcttgggagt tactatggat ctgtaataaa 1800
ctgacgaaaa acccatctgt ttctacgtag ttgctgttgc cgacacaaag aagtcttatg 1860
aactcaatcc aaataattcc actgctatgc tgagaaaagg gggctggogg catggagtot 1920
tgctctgtca cccatcctcg agtgcaatgg caccatctta gttcactgca gccttgaatt 1980
ccagggtcgc agccatcctt ctgcctctgc ctctgagta ggtgggacta caggcatgtg 2040
ccaccatact gagctaattt gttaaacaat tttttttag agacgaggto ttgctaogtt 2100
tcccagactg gtctotgaac tccgggctc aagtatcct actgccttgg cctcccaaag 2160
tactggcata atagacatga gccactgcac ctggctccta agttcttttc ttgaataata 2220
tctttctttt tttttatttt ttgaggtgga gtctcaccct gttgcccagg ctggagtgoa 2280
atggcgtgat ctgggtcac tgcaacttct acctcccggg ttcaagtgt tctcctgcct 2340
cagcctcctg aatagctagg attacaggcg tgcgtacca cgcctggcta attttttgtg 2400
tcttttagtag agatgogggt tcaccatgtt ggccaggott gtctcgaact cttgacctcg 2460
tgatccacco gccttggcct cccaaagtgt tgggattaca ggcgtgagcc accacgocctg 2520
gccaagtaat atcttaatat catgccattg acatttatcc tctaattatt tcagagggtg 2580
ccttcagaag aaggocctct ttgtaaaatt gctattgagg atatttact gaaaaacaaa 2640
tttatcttta aatttaaatc caggaaaaat ttaaacttcc aggcctctat ttttatoaga 2700
cagggtaaaa aatttataac tcagaatatt acccttccct ctcttttgtt gatggattgc 2760
ttggttttag ttactgatta tttaaaataa taagttatcc aaatctagga ttttgataca 2820
atagttcttc tctagaatat agtgtgtgtg tgagagtata tttaaaattt ttattaaggc 2880
ccatggggca gcctttgagg aaaccagacc ttggggatcg ccaggcagga ttagtggcag 2940
gaattgagag aacagagccc cacagagctc ctgggggacc gtccccagct cacaagagta 3000
tctcaaggaa gtagtcttct cccacatccc ccaaagataa ctaccagagg gtcagttctc 3060
tgagcccttc tcagtgtaga aaagacaagt gtcaaagott ccccactcac cctgagtttg 3120
ccttctatga caatacgtcg tttggcctca ctgaggctga gcagaggatg ctggacctcc 3180
caggatattt tgggtcaaat gaagaggatg aaaccacaag tacccttagc gtggagaagc 3240
tggtgatcta gactgagaat cagcctgagc ttaacacago tgggtgtgc tactcgcgtt 3300
ttgtagactt ttgtgtaact atttgtaccg taggacagaa tgtgaggagg aagtaacaca 3360
cacagaggag gatgtgtgtg tgtgcatgtg tttgaattca caaggaagaa attatttatc 3420
ttgagctttt tcctttgtta ttcagttttt attgtttat tactaataat gataataaaa 3480
tgtaaacaaag agc 3493

84/175

<210> 74
 <211> 119
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 74
 Met Gly Thr His Cys Tyr Ser Cys Ala Pro Gly Trp Leu Cys Val Ser
 1 5 10 15
 Ala Val Leu Val Glu Ser Arg Cys Phe Tyr Leu Leu Ala Pro Phe Pro
 20 25 30
 Ala Thr Leu Cys Pro Val Glu Ala Arg Arg His Gln Arg Leu Gln Phe
 35 40 45
 Cys Tyr Ser Leu Leu Gly Met Glu Arg Ser Gly Thr Ala Val Gln Arg
 50 55 60
 Ser Trp Pro Arg Arg Ser Ser Gly Ile Pro Val Pro Arg Ala Val His
 65 70 75 80
 Ser Val Ile Leu Arg Leu Pro Gly Val Glu Gly Ile Thr Cys Trp Val
 85 90 95
 Leu Glu Ser Ile Ala Leu His Leu Arg Lys Glu Lys Ser Gln Lys Asp
 100 105 110
 Lys Met Thr Cys Pro Arg Ser
 115

<210> 75
 <211> 2654
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (98).. (1027)

<400> 75
 ccccgccctcc gcccccggct ggctgagot ggggtgtttcc tgcctctctc agtcggggtt 60
 tggagactcc tgcgtcctcc gacttttctg ggaagagatg tcaggagaaa gtgtgggtgag 120
 ctacagcgggtg ccagcggctg ctaccgcgcac cacttccttc aagggcacga gcccagctc 180
 caaatacgtg aagctgaatg tgggtggagc cctctactat accaccatgo agacgtgac 240
 caagcaggac accatgctga aggccatgtt cagcgggcgc atggaagtgc tcaccgacag 300
 tgaaggctgg atcctcattg accgctgtgg gaagcacttt ggtacgatac tcaactacct 360
 togagaagg ggggtgcctt taccgcagag ccgcggggag atcgaggagc tgctagcaga 420
 agccaagtac tacctagtcc aaggcctggt ggaagagtgc caggcggccc taaaaacaa 480
 agatacttat gagcctttct gcaaggtooc tgtgatcacc tcaccaagg aagaacaaaa 540
 acttatagcg acttcaaata agccagcogt gaagttgctc tacaacagaa gtaacaacaa 600
 atactcatat accagcaatt ctgacgacaa tatgttgaaa aacattgaac tgtttgataa 660
 gctgtctctg cgtttaacg gaagggtcct gttcataaag gatgttattg gggatgaaat 720
 ctgctgtctg tcttttatg gtcaggggcg gaagattgct gaagtctgtt gtacctccat 780
 cgtctatgcc actgagaaga aacagaccaa ggtggagttt cccgaagccc ggatttatga 840

85/175

```

ggagaccctg aacattttgc tgtatgaggo ccaggatggo cggggacctg acaatgcgct 900
cctggaggcc acaggcgggg cggcggggcg ctcccaccac ctggacgagg acgaggagcg 960
ggagcggatc gagcgcgtgc ggaggatcca catcaagcgc cctgatgacc gggcccaacct 1020
ccaccagtga gcaggcaaga gaccgagccg ccctcctctc accgccccca ctccctgccg 1080
tgctacaccc agatcctgtg caggctgcgg ggccccttct gcttcccttg gagcctggag 1140
atacttttgt aacaagccag atgattattt tggatttgct tgacaaggca aattgattgt 1200
cttgacccag gogtatgacc cctgtcgttg aacaagctgt gtctaagatc tctacttttc 1260
atgagaatct gagactcttt ggagccaggc tttctcgggt ctcagaggaa aagtatgaat 1320
gagtgtgaag tgtatgtgag aacttttgtt tgcaatattt atttttgttg gtgtcggctt 1380
cctatgtggg ctttttgggt gacactccct taagggttca gtttgacaat tctgagagt 1440
gtcctgcagt tggaggccac cagaggtatc tgagctccct gcttcctatt tcataatcct 1500
ccagccccag cagggtccact cctggttctt gtgtgtttgg cccgggcaca atccccactg 1560
ctttgctaga cgtgctttct gccatgtggc tttgggccta gagcttggtg ataattgcag 1620
cttgtggcag gggaaatatg gctgaatgag cgtctaaatc gttgagacca gtgcaacttt 1680
gggtgcaagg ctttgtttag ggatcaagcc ttttccacc ttgggctggt ctttggcctg 1740
gtgtcactg ggaccccata tgtctgcgta ggagcagaac tttccatggc agtaagtgtc 1800
cagctctgtt totgttctt tccccaactc cagcccgctc cagtgttctt cctgatggac 1860
ccgactccac tccaggaagg ccactctgacc ctgtgacagg catagctcat aaactacccc 1920
tccctgggat cccgctcctc ttcagcctcc ttcccatga agctgggcta actttctaag 1980
tcattttgct tagaaattca gtgtggccca tacccttgtt cctcccagcc tggcatccag 2040
gcagggacac cctcacacca ccagccccag ggagcttccc tgctataaac acagaccccc 2100
ttgtctttgc ctctgatttt tacacagtgt agagtggcca gcagtgaaca ggttgaggat 2160
gtgcgggtag atagataact ttgggtctgg tttgtgtctg tttcatgtt cgtttaaggg 2220
atatgtgtga ctgtgggtgg ggacgtgtgc ttgtggggca cagggtggcg cccctgctgg 2280
agcccggtg ggcgcagcgc ctatgtagga cgggtgttct cagtgccta cctcccaggc 2340
tcctctgcac ctgcaaagga acaggagtga gtcgtgactg acaggggtgg ttgagactag 2400
actaggtaga gtagttacca ggagatgtga atgtgcgtca ggtgatggat gggtttgtca 2460
agggaatcgt taccgtttta taccaaagg attaacatgg gcagcctttg acacatgtat 2520
tccaaaaacg agtttatatt ttcaaacgg ttttacagct tagactttgt acttactgcc 2580
ctgcctgtga cagttgtatg ccttcatttt gtatccaaca gcaaagtcta caataaaact 2640
ttaaacaat catg 2654

```

<210> 76

<211> 310

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 76

```

Met Ser Gly Glu Ser Val Val Ser Ser Ala Val Pro Ala Ala Ala Thr
1          5          10          15
Arg Thr Thr Ser Phe Lys Gly Thr Ser Pro Ser Ser Lys Tyr Val Lys
20          25          30
Leu Asn Val Gly Gly Ala Leu Tyr Thr Thr Met Gln Thr Leu Thr
35          40          45
Lys Gln Asp Thr Met Leu Lys Ala Met Phe Ser Gly Arg Met Glu Val
50          55          60
Leu Thr Asp Ser Glu Gly Trp Ile Leu Ile Asp Arg Cys Gly Lys His

```


86/175

65					70					75				80	
Phe	Gly	Thr	Ile	Leu	Asn	Tyr	Leu	Arg	Asp	Gly	Ala	Val	Pro	Leu	Pro
				85					90					95	
Glu	Ser	Arg	Arg	Glu	Ile	Glu	Glu	Leu	Leu	Ala	Glu	Ala	Lys	Tyr	Tyr
			100					105					110		
Leu	Val	Gln	Gly	Leu	Val	Glu	Glu	Cys	Gln	Ala	Ala	Leu	Gln	Asn	Lys
		115					120					125			
Asp	Thr	Tyr	Glu	Pro	Phe	Cys	Lys	Val	Pro	Val	Ile	Thr	Ser	Ser	Lys
	130					135					140				
Glu	Glu	Gln	Lys	Leu	Ile	Ala	Thr	Ser	Asn	Lys	Pro	Ala	Val	Lys	Leu
	145			150						155					160
Leu	Tyr	Asn	Arg	Ser	Asn	Asn	Lys	Tyr	Ser	Tyr	Thr	Ser	Asn	Ser	Asp
				165					170					175	
Asp	Asn	Met	Leu	Lys	Asn	Ile	Glu	Leu	Phe	Asp	Lys	Leu	Ser	Leu	Arg
		180						185					190		
Phe	Asn	Gly	Arg	Val	Leu	Phe	Ile	Lys	Asp	Val	Ile	Gly	Asp	Glu	Ile
	195					200						205			
Cys	Cys	Trp	Ser	Phe	Tyr	Gly	Gln	Gly	Arg	Lys	Ile	Ala	Glu	Val	Cys
	210					215					220				
Cys	Thr	Ser	Ile	Val	Tyr	Ala	Thr	Glu	Lys	Lys	Gln	Thr	Lys	Val	Glu
	225				230					235					240
Phe	Pro	Glu	Ala	Arg	Ile	Tyr	Glu	Glu	Thr	Leu	Asn	Ile	Leu	Leu	Tyr
			245						250					255	
Glu	Ala	Gln	Asp	Gly	Arg	Gly	Pro	Asp	Asn	Ala	Leu	Leu	Glu	Ala	Thr
		260					265						270		
Gly	Gly	Ala	Ala	Gly	Arg	Ser	His	His	Leu	Asp	Glu	Asp	Glu	Glu	Arg
	275					280						285			
Glu	Arg	Ile	Glu	Arg	Val	Arg	Arg	Ile	His	Ile	Lys	Arg	Pro	Asp	Asp
	290					295					300				
Arg	Ala	His	Leu	His	Gln										
305					310										

<210> 77

<211> 2517

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (274).. (687)

<400> 77

```

ttctacaggg atctggacaa ctctcctctg tccccacctt caccaaggac caaaagcaga 60
acgcatactc gggcactcaa gaagttaagt gaggtgaaca agcgctcca ggatctcgt 120
tctgtctga gccccaagcc acctcagggt caagagcaac agggccaaga ggatgaagt 180
gtcttggtgg aaggggccac cctcccagag acccccgcac tcttccact caaatccgt 240
tgccgggtg acctggtcag attgcccctc aggatgtcgg agcccctgca gagtgtggtg 300

```

87/175

```

gaccacatgg ccacccacot tggggtgtcc ccaagcagga tccttttgct ttttggagag 360
acagagctat cacctactgc cactcccagg accctaaagc tcggagtggc tgacatcatt 420
gactgtgtgg tactaacaag ttctccagag gccacagaga cgtcccaaca gotccagctc 480
cgggtgcagg gaaaggagaa acaccagaca ctggaagtct cactgtctcg agattccctc 540
ctaaagaccc ttatgtccca ctatgaggag gccatgggac tgtogggacg gaagctctcc 600
ttcttctttg atgggacaaa gctttcaggc agggagctgc cagctgacct gggcatggaa 660
tctggggacc tcattgaggt ctggggctga cccccactc cctgtttgac ggcccagcct 720
ggacttgggg agaatgactt tccctttttt gcccataag ggctagcata agctgaggta 780
gaacttatct ttaagctgca gcaaaatcaa ggagtgactt ttgtcccctc tcctgttgac 840
cctgttttag agccgttaac cacttgggtga gttatgtggg tgttgttgcc ctgggtggcc 900
tgtggctccg tccacaagtc atgctgagtt ttgcagcctc tgtgacttgg agatgtccct 960
tcacccctcc cctttcacca ccctcctctt ttctcatgg aaatgtctgc tttatgaaac 1020
tatgcacata ttgaaagtga gtigaaacaa atgagggttg gtaggagctc tccaggcctg 1080
ggatttacac cagccctagc ccagcagagg ccttagtccc atttggggct tgggagtga 1140
atttgcctga ggcttatata ctggtgtggt tgcctggctt gcaggaaatg accaagctca 1200
cacatgctgg ctgaagccta agcagacaac tgaggctactc ttttgaagga tgaaggtggt 1260
ggattctcag ccctgggggt cttcctcacc tgaggaccct tcagagccac cctttctagt 1320
ttgcatttcc tgggtgcacac atttaaggca taacagcaca ttcctccctt tggtttgga 1380
tctcaggaat acagtcccat gcaaagattc totggtttta tggctttttt ccttttcttt 1440
acaccatcct ctcccataag caccatgtc tttgaatatg aatgtatttg taaaatacca 1500
cgtttcatgt gtgaatatgt gcttttactg tacatagtgc tattgtgcaa taggtcttat 1560
gctgttttca ctcaatgtgt gctaagatct agccccattg actcttctag aaatgcagta 1620
ttgctttgac ctgccatgtg gcactccaca atgtcaattg cagtttacac acattgccta 1680
aagtggggga cacctgggtg cccctgacct cttggcaccg gatacaggcc acgataaaca 1740
tcctttcgtg tgttcccttc tgtgcttgtg tggcatgtgt acccaggatg ggccatagga 1800
tcacagaggt cagtttctct ttggttttcc agattttctt tagaacggtg actgaccctc 1860
ctacttgagg ccgccctttt ctcttatcc ttgccagcac ttgtattgcc agactaccta 1920
atttttgcca gtctcatggg tagatagtgg tgcagtgtt taacatacat tcactctgac 1980
agcattaatt tggggaattt tttaacttag cctttctggt ttcccttctt gtgcattgcc 2040
cattttctca tggagtttct tatctttttt ggtttattct caggagtgc ttgtacattc 2100
ttgggaatt gcagataatt ccaagaatgc atatttgggc tgggtatgga ggttcaactg 2160
taatcccagc actttgggag gccaggcag aaggatcgct gcagcccagg agttcgagac 2220
tagcctgggc aacatagcga gacctcgtct ctacaaaaaa aaattaaaaa gggggctttg 2280
ggaggccaag gcgggcagat catgagggca ggagattgag accctcctgg ccaacatggt 2340
gaaacccgt ctctactaaa atacaaaaaa ttagctgggc atggtgggc acacctgtag 2400
tcccagctac tctggaggct gaggcagggg aatogcttaa acccaggagg cggagattgc 2460
agttagccaa ggttccacca ctgcactcca gcctggcgac agagcaaggc tccactc 2517

```

<210> 78

<211> 138

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 78

```

Met Ser Glu Pro Leu Gln Ser Val Val Asp His Met Ala Thr His Leu
 1             5             10            15
Gly Val Ser Pro Ser Arg Ile Leu Leu Leu Phe Gly Glu Thr Glu Leu

```

20										25					30				
Ser	Pro	Thr	Ala	Thr	Pro	Arg	Thr	Leu	Lys	Leu	Gly	Val	Ala	Asp	Ile				
35						40						45							
Ile	Asp	Cys	Val	Val	Leu	Thr	Ser	Ser	Pro	Glu	Ala	Thr	Glu	Thr	Ser				
50						55						60							
Gln	Gln	Leu	Gln	Leu	Arg	Val	Gln	Gly	Lys	Glu	Lys	His	Gln	Thr	Leu				
65						70						75							
Glu	Val	Ser	Leu	Ser	Arg	Asp	Ser	Pro	Leu	Lys	Thr	Leu	Met	Ser	His				
			85						90			95							
Tyr	Glu	Glu	Ala	Met	Gly	Leu	Ser	Gly	Arg	Lys	Leu	Ser	Phe	Phe	Phe				
			100						105			110							
Asp	Gly	Thr	Lys	Leu	Ser	Gly	Arg	Glu	Leu	Pro	Ala	Asp	Leu	Gly	Met				
115						120						125							
Glu	Ser	Gly	Asp	Leu	Ile	Glu	Val	Trp	Gly										
130						135													

<210> 79
<211> 2901
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (91):.. (1974)

<400> 79

gcatttgcgg	ccggcgccag	ggtggagagt	tgtgogcgg	tcottggggc	tgagctccgg	60
ctccggctgg	ggcgccctgg	atgtctcaag	atggcggagc	tgggcgaatt	aaagcacatg	120
gtgatgagtt	tccgggtgtc	tgagctccag	gtgcttcttg	gttttgctgg	ccggaacaag	180
agtggacgga	agcacgagct	cctggccaag	gctotgcacc	tcctgaagtc	cagctgtgcc	240
cctagtgtcc	agatgaagat	caaagagott	taccgaogac	gtttcccccg	gaagaccctg	300
gggcccctctg	atctctccct	tctctctttg	ccccctggca	ctctctctgt	aggctccccc	360
ggtcctctag	ctccatttcc	cccaacgctg	ttggcccctg	gcacctgtct	gggccccaaag	420
cgtgagggtg	acatgcaccc	ccctctgccc	cagcctgtgc	acctgatgtg	caccatgaaa	480
ccattgccct	totatgaagt	ctatggggag	ctcatccggc	ccaccaccct	tgcatccact	540
tctagccagc	ggtttgagga	agcgcacttt	acctttgccc	tcacacccca	gcaagtgcag	600
cagattctta	catccagaga	ggttctgcca	ggagccaaat	gtgattatac	catacagggtg	660
cagctaaggt	totgtctctg	tgagaccagc	tgcccccagg	aagattattt	tccccccaac	720
ctctttgtca	aggtcaatgg	gaaactgtgc	cccctgccgg	gttaccttcc	cccaaccaag	780
aatggggcgg	agcccaagag	gccagccggc	cccatcaaca	tcacaccccc	ggctcgactc	840
tcagccactg	ttcccaacac	catttgtgtc	aattggtcat	ctgagttcgg	acggaattac	900
tccttgtctg	tgtacctggt	gaggcagttg	actgcaggaa	cccttctaca	aaaactcaga	960
gcaaagggtg	tccggaaccc	agaccactcg	cgggcaactg	tcaaggagaa	attgactgct	1020
gaccttgaca	gtgagggtgg	cactacaagt	ctccgggtgt	cactcatgtg	cccgctaggg	1080
aagatgcgcc	tgactgtccc	ttgtcgtgcc	ctcacctgcg	cccacctgca	gagcttcgat	1140
gctgcccttt	atctacagat	gaatgagaag	aagcctacat	ggacatgtcc	tgtgtgtgac	1200
aagaaggctc	cctatgaatc	tcttatcatt	gatggtttat	ttatggagat	tcttagttcc	1260

89/175

```

tggtcagatt gtgatgagat ccaattcatg gaagatggat cctgggtgcc aatgaaaccc 1320
aagaaggagg catctgaggt ttgccccccg ccagggtatg ggctggatgg cctccagtac 1380
agcccagttcc agggggggaga tccatcagag aataagaaga aggtcgaagt tattgacttg 1440
acaatagaaa gctcatcaga tgaggaggat ctgcccccta ccaagaagca ctgttctgtc 1500
acctcagctg ccatcccggc cctacctgga agcaaaggag tcctgacatc tggccaccag 1560
ccatcctcgg tgctaaggag cctgctatg ggcacgttgg gtggggattt cctgtccagt 1620
ctcccactac atgagtaccc acctgccttc ccactgggag cagacatcca aggtttagat 1680
ttattttcat ttcttcagac agagagtcag cactatggcc cctctgtcat cacctcacta 1740
gatgaacagg atgcccttgg ccacttcttc cagtaccgag ggaccccttc tcactttctg 1800
ggcccactgg ccccccacgt ggggagctcc cactgcagcg ccactccggc gccccctcct 1860
ggcctgttca gcagcattgt gggccctggg ggggccttga gggaggggca tggaggaccc 1920
ctgcccctcag gtcccctctt gactggctgt cggtcagaca tcatttccct ggactgagtt 1980
ccctggatta tggaaacttc gctgtcccc aacactgagc aagtatgctg tggagtccca 2040
accccagcta ctctgatccc totgggggct ctggccaagg gccagacaga ccttcacaga 2100
tgccactttt tggcctcctc totgcctgac aaggccagca cccaaagggt taatatttaa 2160
cctcttttta aggacactgg ggtctgttcc tggaaatgtt ctttagatgg tggcacatcc 2220
ctttgggtat gttaacctag gcagtgggag gcaaatggga tggatgtga gctaggagaa 2280
gggctgaacc ctacgacctg actatgtcta gagcctcttg gggaaggggc acctctcttg 2340
aaccctaaat gctctctctt ctattacc ccaaccatgg ctctatttct tcttcacatc 2400
cattgtctct tcatgtctat tccattccct tcggccaaac agacagggtg aaaaactgag 2460
acaggcagtt tcagagatgg acagagaact ttattttgga ttgtggatgt ggactttttt 2520
gtacataaat aagaaaaacc aaaatactcc aaagatgaat tcccctgcct cctactccag 2580
tatgacagag gaggatgtaa ggccttagcc atgatctgca ggggtctggg agtcaggccc 2640
ggcctattgc ttgggtctct ctctatttat atatctaagt tcacagtgtt tcttattccc 2700
ccctaagctt ctagaggctc atggccctgt agttaggcct ggctcattct gcaccttcc 2760
agggagggtg aaggaccctg tgccctcctt cccaatcttc tttttcaggc tcgccaaggc 2820
ctaggaccta tgttgtaatt ttacttttta tttctaaagt tgtagtgaag ctctcaccca 2880
taataaagggt tgtgaatgtt c
2901

```

<210> 80

<211> 628

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 80

```

Met Ala Glu Leu Gly Glu Leu Lys His Met Val Met Ser Phe Arg Val
 1           5           10           15
Ser Glu Leu Gln Val Leu Leu Gly Phe Ala Gly Arg Asn Lys Ser Gly
 20           25           30
Arg Lys His Glu Leu Leu Ala Lys Ala Leu His Leu Leu Lys Ser Ser
 35           40           45
Cys Ala Pro Ser Val Gln Met Lys Ile Lys Glu Leu Tyr Arg Arg Arg
 50           55           60
Phe Pro Arg Lys Thr Leu Gly Pro Ser Asp Leu Ser Leu Leu Ser Leu
 65           70           75           80
Pro Pro Gly Thr Ser Pro Val Gly Ser Pro Gly Pro Leu Ala Pro Ile
 85           90           95

```

90/175

Pro Pro Thr Leu Leu Ala Pro Gly Thr Leu Leu Gly Pro Lys Arg Glu
 100 105 110
 Val Asp Met His Pro Pro Leu Pro Gln Pro Val His Pro Asp Val Thr
 115 120 125
 Met Lys Pro Leu Pro Phe Tyr Glu Val Tyr Gly Glu Leu Ile Arg Pro
 130 135 140
 Thr Thr Leu Ala Ser Thr Ser Ser Gln Arg Phe Glu Glu Ala His Phe
 145 150 155 160
 Thr Phe Ala Leu Thr Pro Gln Gln Val Gln Gln Ile Leu Thr Ser Arg
 165 170 175
 Glu Val Leu Pro Gly Ala Lys Cys Asp Tyr Thr Ile Gln Val Gln Leu
 180 185 190
 Arg Phe Cys Leu Cys Glu Thr Ser Cys Pro Gln Glu Asp Tyr Phe Pro
 195 200 205
 Pro Asn Leu Phe Val Lys Val Asn Gly Lys Leu Cys Pro Leu Pro Gly
 210 215 220
 Tyr Leu Pro Pro Thr Lys Asn Gly Ala Glu Pro Lys Arg Pro Ser Arg
 225 230 235 240
 Pro Ile Asn Ile Thr Pro Pro Ala Arg Leu Ser Ala Thr Val Pro Asn
 245 250 255
 Thr Ile Val Val Asn Trp Ser Ser Glu Phe Gly Arg Asn Tyr Ser Leu
 260 265 270
 Ser Val Tyr Leu Val Arg Gln Leu Thr Ala Gly Thr Leu Leu Gln Lys
 275 280 285
 Leu Arg Ala Lys Gly Ile Arg Asn Pro Asp His Ser Arg Ala Leu Ile
 290 295 300
 Lys Glu Lys Leu Thr Ala Asp Pro Asp Ser Glu Val Ala Thr Thr Ser
 305 310 315 320
 Leu Arg Val Ser Leu Met Cys Pro Leu Gly Lys Met Arg Leu Thr Val
 325 330 335
 Pro Cys Arg Ala Leu Thr Cys Ala His Leu Gln Ser Phe Asp Ala Ala
 340 345 350
 Leu Tyr Leu Gln Met Asn Glu Lys Pro Thr Trp Thr Cys Pro Val
 355 360 365
 Cys Asp Lys Lys Ala Pro Tyr Glu Ser Leu Ile Ile Asp Gly Leu Phe
 370 375 380
 Met Glu Ile Leu Ser Ser Cys Ser Asp Cys Asp Glu Ile Gln Phe Met
 385 390 395 400
 Glu Asp Gly Ser Trp Cys Pro Met Lys Pro Lys Lys Glu Ala Ser Glu
 405 410 415
 Val Cys Pro Pro Gly Tyr Gly Leu Asp Gly Leu Gln Tyr Ser Pro
 420 425 430
 Val Gln Gly Gly Asp Pro Ser Glu Asn Lys Lys Lys Val Glu Val Ile
 435 440 445
 Asp Leu Thr Ile Glu Ser Ser Ser Asp Glu Glu Asp Leu Pro Pro Thr
 450 455 460
 Lys Lys His Cys Ser Val Thr Ser Ala Ala Ile Pro Ala Leu Pro Gly
 465 470 475 480

91/175

Ser Lys Gly Val Leu Thr Ser Gly His Gln Pro Ser Ser Val Leu Arg
 485 490 495
 Ser Pro Ala Met Gly Thr Leu Gly Gly Asp Phe Leu Ser Ser Leu Pro
 500 505 510
 Leu His Glu Tyr Pro Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala Asp Ile Gln Gly
 515 520 525
 Leu Asp Leu Phe Ser Phe Leu Gln Thr Glu Ser Gln His Tyr Gly Pro
 530 535 540
 Ser Val Ile Thr Ser Leu Asp Glu Gln Asp Ala Leu Gly His Phe Phe
 545 550 555 560
 Gln Tyr Arg Gly Thr Pro Ser His Phe Leu Gly Pro Leu Ala Pro Thr
 565 570 575
 Leu Gly Ser Ser His Cys Ser Ala Thr Pro Ala Pro Pro Pro Gly Arg
 580 585 590
 Val Ser Ser Ile Val Ala Pro Gly Gly Ala Leu Arg Glu Gly His Gly
 595 600 605
 Gly Pro Leu Pro Ser Gly Pro Ser Leu Thr Gly Cys Arg Ser Asp Ile
 610 615 620
 Ile Ser Leu Asp
 625

<210> 81

<211> 2130

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (186).. (1262)

<400> 81

aagcgcgttc cgggcagctg cgggctccga ggccagagag aaaagactgc gaggtggccg 60
 cagctgtggc cggagagcac aaagaatgaa ccagcagttg aagagaaaat actgtaagct 120
 ggctgactgc tggatgaagaa aatgctttat ttttgtggca ggcactctgt ggatctgtaa 180
 tagaaatgat ggctggctgt ggtgaaattg atcattcaat aaacatgctt octacaaaca 240
 ggaaagcgaa cgagtcctgt tctaatactg cactttcttt aaccgtccct gaatgtgcca 300
 tttgtctgca aacatgtgtt catccagtcg gtctgccctg taagcacgtt ttctgctatc 360
 tatgtgtaaa aggagcttca tggcttggaa agcgggtgtg tctttgtcga caagaaattc 420
 ccgaggattt ccttgacaag ccaaccttgt tgtoaccaga agaactcaag gcagcaagta 480
 gaggaatgg tgaatatgca tggattatg aaggaagaaa tgggtgggtg cagtacgatg 540
 agcgactag tagagagctg gaagatgctt ttccaaaagg taaaaagaac actgaaatgt 600
 taattgtcgg ctttctgtat gtgcgtgac ttgaaaacat ggttcaatat aggagaaatg 660
 aacatggacg tcgcaggaag attaagcgag atataataga tataccaaag aaggagtag 720
 ctggacttag gctagactgt gatgctaata ccgtaaacct agcaagagag agctctgctg 780
 acggagcggg cagtgtatca gcacagagtg gagcttctgt tcagccccta gtgtcttctg 840
 taaggccctt aacatcagta gatggtcagt taacaagccc tgcaacacca tccctgatg 900
 caagcacttc tctggaagac tcttttgcgc atttacaact cagtggagac aacacagctg 960

92/175

```

aaaggagtca taggggagaa ggagaagaag atcatgaatc accatcttca ggcagggtac 1020
cagcaccaga cacctccatt gaagaaactg aatcagatgc cagtagtgat agtgaggatg 1080
tatctgcagt tgttgacag cactccttga cccaacagag acttttggtt tctaatagcaa 1140
accagacagt acccgatcga tcagatcgat cgggaactga tcgatcagta gcagggggtg 1200
gaacagttag tgtcagtgtc agatctagaa ggccatgatg acagtgcaca gtaactgaag 1260
tttaataaaa aatgtcttca gctccatgct caagggtgaa agggttacct gtaaatcttct 1320
gcccacataa cattatactc atccctagta gtgcattttg ggagttgggg tgggaagggg 1380
tatgggaagg atagactcat aattaaaatg tctaacatgt ctctgttgag aaattttatt 1440
aatgtaagga acttgggtgt taatagttga gagctgttta gtaataaacc agttttcttg 1500
aggtctgttt actttatact ttttaaaaac ttctgtagtt cttttggcca gtgtgtttgt 1560
attatctgtg cattaatggt cctcatctga ctctgcatt gtgtcttatt tttctgcatt 1620
gattggcata agaccattac taaaatttgg cacctgtgag atgtttgata ttatgaacag 1680
gaaacataat ttaatgtatg aatagatgtg aatttgggat ttcaaaatag atgaataaca 1740
actattttat agtaaagtta ttgaaatgga aatgaaaaca gccagtaact tatgtttcag 1800
aatgtttgta acacacttca tgggtgttccc ataggctttg ctgtctagtc ttatagtttg 1860
aggttttttt ggtctgcatt tttctttttg attacaaaat ttataattta ataaatacta 1920
gagtttatca aaaacagttt gtctcttgtt tgagggtgga aagggtgtgg aaacattttg 1980
acattttgta ccaaaggatc cttaaaaagt ggtgttttta attggttgtt ttcagottaa 2040
tcacctgctc agaaaagttt gatttttttc ttagagatta tttaaacaga atctataggc 2100
agtgtgtata taataaacat gtatggaaat 2130

```

<210> 82

<211> 359

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 82

```

Met Met Ala Gly Cys Gly Glu Ile Asp His Ser Ile Asn Met Leu Pro
1          5          10          15
Thr Asn Arg Lys Ala Asn Glu Ser Cys Ser Asn Thr Ala Pro Ser Leu
20        25        30
Thr Val Pro Glu Cys Ala Ile Cys Leu Gln Thr Cys Val His Pro Val
35        40        45
Ser Leu Pro Cys Lys His Val Phe Cys Tyr Leu Cys Val Lys Gly Ala
50        55        60
Ser Trp Leu Gly Lys Arg Cys Ala Leu Cys Arg Gln Glu Ile Pro Glu
65        70        75        80
Asp Phe Leu Asp Lys Pro Thr Leu Leu Ser Pro Glu Glu Leu Lys Ala
85        90        95
Ala Ser Arg Gly Asn Gly Glu Tyr Ala Trp Tyr Tyr Glu Gly Arg Asn
100       105       110
Gly Trp Trp Gln Tyr Asp Glu Arg Thr Ser Arg Glu Leu Glu Asp Ala
115       120       125
Phe Ser Lys Gly Lys Lys Asn Thr Glu Met Leu Ile Ala Gly Phe Leu
130       135       140
Tyr Val Ala Asp Leu Glu Asn Met Val Gln Tyr Arg Arg Asn Glu His
145       150       155       160

```

93/175

Gly Arg Arg Arg Lys Ile Lys Arg Asp Ile Ile Asp Ile Pro Lys Lys
 165 170 175
 Gly Val Ala Gly Leu Arg Leu Asp Cys Asp Ala Asn Thr Val Asn Leu
 180 185 190
 Ala Arg Glu Ser Ser Ala Asp Gly Ala Asp Ser Val Ser Ala Gln Ser
 195 200 205
 Gly Ala Ser Val Gln Pro Leu Val Ser Ser Val Arg Pro Leu Thr Ser
 210 215 220
 Val Asp Gly Gln Leu Thr Ser Pro Ala Thr Pro Ser Pro Asp Ala Ser
 225 230 235 240
 Thr Ser Leu Glu Asp Ser Phe Ala His Leu Gln Leu Ser Gly Asp Asn
 245 250 255
 Thr Ala Glu Arg Ser His Arg Gly Glu Glu Glu Asp His Glu Ser
 260 265 270
 Pro Ser Ser Gly Arg Val Pro Ala Pro Asp Thr Ser Ile Glu Glu Thr
 275 280 285
 Glu Ser Asp Ala Ser Ser Asp Ser Glu Asp Val Ser Ala Val Val Ala
 290 295 300
 Gln His Ser Leu Thr Gln Gln Arg Leu Leu Val Ser Asn Ala Asn Gln
 305 310 315 320
 Thr Val Pro Asp Arg Ser Asp Arg Ser Gly Thr Asp Arg Ser Val Ala
 325 330 335
 Gly Gly Gly Thr Val Ser Val Ser Val Arg Ser Arg Arg Pro Asp Gly
 340 345 350
 Gln Cys Thr Val Thr Glu Val
 355

<210> 83

<211> 2748

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (250).. (1011)

<400> 83

agactgctgt gctagcaatc agcgagattc cgtgggcgta ggaccctctg agccaggtgt 60
 gggatatagt ctggtgtgc gccgtttcctt aagccggtct gaaaagcgca atattcggat 120
 gggagtgaac cgattttcca ggaactgaag ttaaaagatg aagaatgtga gaggctttca 180
 aaagtgcgag atcaacttgg acaggaattg gaagaactca cagctagtct atttgaggaa 240
 gtcataaaaa tggtagaga agcaaatac aagcaggcaa cagcagaaaa acagctaaaa 300
 gaagcacaag gaaaaattga tgtacttcaa gotgaagtag ctgcattgaa gacacttcta 360
 ttgtccagtt ctccaacatc acctacgcag gaggctttgc cagggtggaaa gacacctttt 420
 aaaaaggggc atacaagaaa taaaagcaca agcagtgcta tgagtggcag tcatcaggac 480
 ctcagtgtga tacagccaat tgtaaaagac tgcaaagagg ctgacttata ctgtataat 540
 gaattccgat tgtggaagga tgagcccaca atggacagga ogtgtccttt cttagacaaa 600

94/175

```

atctaccagg aagatatctt tccatgttta acattctcaa aaagtgagtt ggcttcagot 660
gttctggagg ctgtggaaaa caatactcta agcattgaac cagtgggatt acaacctatc 720
cggtttgtga aagcttotgc agttgaatgc ggaggaccaa aaaaatgtgc tctcactggc 780
cagagtaagt cctgtaaaaca cagaattaaa ttaggggact caagcaacta ttattatatt 840
tctccttttt gcagatacag gatcacttct gtatgtaact tttttacata cattcgatac 900
attcagcagg gactcgtgaa acagcaggat gttgatcaga tgttttggga ggttatgcag 960
ttgagaaaag agatgtcatt ggcaaagctg ggttatttca aagaggaact ctgatgctct 1020
gcgtggggacc atgcctgaac tccccgaata actgaaaaat ggctgaatat ttttatggtt 1080
acttgatatt tatttccaag gagtgcgct aagacttttt tccccctttg caaattgctc 1140
taagaagtao catgatttct tttaaactga tctatgctgt gtttgottat tctttagttg 1200
aacacactat gaagaattcc aggtgtacta gtgaatgtaa tttatagttg ccaaaaaaaaa 1260
acaaaactga aataaataaa tgttagattg aatgtgigta ctttttctct tctagctctg 1320
acatggcatt tagggttagc agaatgtatt aaatagtaat tttcaaaacta cacagtagot 1380
tccttcoottg tgagaggcaa gaaagaagtc tgagtggata gtaactaact tccaaggccc 1440
ccacctctag aatggottta tttttatctg ttttctatat tgggtttcaa aaaagatttt 1500
atttgaagaa atacttctgc tgctacaaag ttigaaagtt actattttta ttattctgot 1560
ctctgtaact gaaagaatcc ctttattttg gttattcatt aaaatataat agaaggcagt 1620
cagattttat cccagagatg tattcctgag tgtcttgata tagtgtatto atgttttata 1680
tgtgttgacc actatattgt cattggaggg acatagatgt aaatgagttt gacgtgtgtc 1740
aaaggggttt aaaggggtgt ggattgaatg aatggtacgt gcgaagtata tgctgattat 1800
agaaccactt gatctotgca ttccaaattg taaaactgac tcaactggag aaattataac 1860
aaagagggtt gtggtagaaa tgaataagt atagaaaagc aaaaagaaaa gagaaactgc 1920
tttagtttct gtttagagaa agctgctgtt aatatttttg gatagtagcc tttcagottt 1980
cagatatttt ctacttacat atgcataatt ttgaaacaaa aagtaggctt tttttttgct 2040
ttttaaacct aaacattaaa tatattttcc cttgggtaaa cctacacatc ctaatccctg 2100
tttatagaat ttttaacataa ttttaattgt tttggagatg aggtggtttt cagtttattt 2160
ttcatattat aatgctgtga cgagtatcct tatctgtaca cttctgaaca ttgtggagtt 2220
cttcoatgtg gatgcctgga gataaaaatt tgcogagata tatatgtatt tttaaatggt 2280
tgatctgcat tgctagattg ccatccagaa aagttaatca atttgtattc acagcagcag 2340
tgtacaagag ggctggtttt ctgaagataa catttttttc agtctgttc agaggttttg 2400
tcaatcttac ctgtagatga cttcagocac caggctggat gggagcccac agacaaaagg 2460
acattgggtg atgttatggt gaaaaccatc agtaccatgc ctagctcaag aatgtgaaat 2520
tgaacctgaa aaaaactttg aacctacaat tttatgttct gaaaatagtt attctaattg 2580
gagggcatta ataagaatat gtaccatcaa agcatcagaa gattttccat acaaactaaa 2640
atcacttttg gagaaagtac ctaaaataaa agagaaacaa atccaggaga tactgtacgg 2700
tttgaaagaa aggtaatcaa atactcagaa aaagtttgtt gatgactt 2748

```

<210> 84

<211> 254

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 84

Met Val Arg Glu Ala Asn Ile Lys Gln Ala Thr Ala Glu Lys Gln Leu

1

5

10

15

Lys Glu Ala Gln Gly Lys Ile Asp Val Leu Gln Ala Glu Val Ala Ala

20

25

30

95/175

Leu Lys Thr Leu Val Leu Ser Ser Ser Pro Thr Ser Pro Thr Gln Glu
 35 40 45
 Pro Leu Pro Gly Gly Lys Thr Pro Phe Lys Lys Gly His Thr Arg Asn
 50 55 60
 Lys Ser Thr Ser Ser Ala Met Ser Gly Ser His Gln Asp Leu Ser Val
 65 70 75 80
 Ile Gln Pro Ile Val Lys Asp Cys Lys Glu Ala Asp Leu Ser Leu Tyr
 85 90 95
 Asn Glu Phe Arg Leu Trp Lys Asp Glu Pro Thr Met Asp Arg Thr Cys
 100 105 110
 Pro Phe Leu Asp Lys Ile Tyr Gln Glu Asp Ile Phe Pro Cys Leu Thr
 115 120 125
 Phe Ser Lys Ser Glu Leu Ala Ser Ala Val Leu Glu Ala Val Glu Asn
 130 135 140
 Asn Thr Leu Ser Ile Glu Pro Val Gly Leu Gln Pro Ile Arg Phe Val
 145 150 155 160
 Lys Ala Ser Ala Val Glu Cys Gly Gly Pro Lys Lys Cys Ala Leu Thr
 165 170 175
 Gly Gln Ser Lys Ser Cys Lys His Arg Ile Lys Leu Gly Asp Ser Ser
 180 185 190
 Asn Tyr Tyr Tyr Ile Ser Pro Phe Cys Arg Tyr Arg Ile Thr Ser Val
 195 200 205
 Cys Asn Phe Phe Thr Tyr Ile Arg Tyr Ile Gln Gln Gly Leu Val Lys
 210 215 220
 Gln Gln Asp Val Asp Gln Met Phe Trp Glu Val Met Gln Leu Arg Lys
 225 230 235 240
 Glu Met Ser Leu Ala Lys Leu Gly Tyr Phe Lys Glu Glu Leu
 245 250

<210> 85

<211> 2944

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (265).. (2031)

<400> 85

gtggctgctg cggatgtcgg tgtgagcag oggcgcctga acacacggcg gctgccgagc 60
 gcctgacccg ggcctgcgcc agagcctgca cagagctccg gggccccaca ccgctaagg 120
 tggccctgcg cccgttgcta ctgaggcggc gtgctctgca ttcttcgctg tccaggcctg 180
 ccggctcttg tgtctgtggt ctctctcttg ctgcctgtgt ccctcctgct tgctcgagtc 240
 accgcgcggc cgcgcgcac agccatggcc gagagtggg aaagcggcgg tcctccgggc 300
 tccaggata ggcgcgcgg agccgaaggt gctggcgccc ccgcggccgc tgctccgcgc 360
 gagcccaaaa tcatgaaagt caccgtgaag accccgaagg aaaaggagga attcgcctg 420
 ccgagaata gctccgtoca gcagttaag gaagaaatct ctaaactgtt taaatcacat 480

96/175

```

actgaccaac ttgtgttgat atttgctgga aaaattttga aagatcaaga taccttgagt 540
cagcatggaa ttcatgatgg acttactgtt caccttgtca ttaaaacaca aaacaggcct 600
caggatcatt cagctcagca aacaaataca gctggaagca atgttactac atcatcaact 660
cctaatagta actctacatc tggttctgct actagcaacc cttttgggtt aggtggcctt 720
gggggacttg caggcttgag tagcttgggt ttgaatacta ccaacttctc tgaactacag 780
agtcagatgc agcgacaact tttgtctaac cctgaaatga tggccagat catggaaaaat 840
ccctttgttc agagcatgct ctcaaatcct gacctgatga gacagttaat tatggccaat 900
ccacaaatgc agcagttgat acagagaaat ccagaaatta gtcatatgtt gaataatcca 960
gatataatga gacaaacgtt ggaacttgcc aggaatccag caatgatgca ggagatgatg 1020
aggaaccagg accgagcttt gagcaacctc gaaagcatcc cagggggata taatgcttta 1080
aggcgcatgt acacagatat tcaggaaacca atgctgagtg ctgcacaaga gcagtttggg 1140
ggtaatccat ttgcttccct ggtgagcaat acatccctctg gtgaaggtag tcaaccttcc 1200
ogtacagaaa atagagatcc actaccaat ccatgggctc cacagacttc ccagagttca 1260
tcagcttcca ggggcaactgc cagcaactgtg ggtggcacta ctggtagtac tgccagtggc 1320
acttctgggc agagtactac tgcgccaaat ttggtgcctg gaggtaggag tagtatgttc 1380
aacacaccag gaatgcagag cttgttgcaa caaataactg aaaaccacaca actgatgcaa 1440
aacatgttgt ctgcccccta catgagaagc atgatgcagt cactaagcca gaatcctgac 1500
cttgcctgac agatgatgct gaataatccc ctatttgcctg gaaatccctc gcttcaagaa 1560
caaatgagac aacagctccc aactttcctc caacaaatgc ggaatccctg tacactatca 1620
gcaatgtcaa accctagagc aatgcaggcc ttgttacaga ttacagaggg ttacagaca 1680
ttagcaacgg aagccccggg ctttatccca gggtttactc ctggcttggg ggcattagga 1740
agcactggag gctcttcggg aactaatgga tctaacgcca cacctagtga aaacacaagt 1800
cccacagcag gaaccactga acctggacat cagcagttta ttacagcagat gctgcaggct 1860
cttgcctggag taaatccctc gctacagaat ccagaagtca gatttcagca acaactggaa 1920
caactcagtg caatgggatt tttgaacogt gaagcaaaact tgcaagctct aatagcaaca 1980
ggaggtgata tcaatgcagc tattgaaagg ttactggggt ccagccatc atagcagcat 2040
ttctgtatct tgaaaaaatg taatttatit ttgataacgg ctcttaaaact ttaaaatacc 2100
tgctttatit cattttgact cttggaatto tgtgctgtta taaacaaacc caatatgatg 2160
cattttaagg tggagtacag taagatgtgt gggtttttct gtatttttct tttotgggaa 2220
agtgggaatt aaggctactg catgcatcac ttctgcattt attgtaattt tttaaaaaca 2280
tcacctttta tagttgggtg accagatittt gtcctgcac cgtccagttt atttgctttt 2340
taaacattag cctatggtag taatttatgt agaataaaag cattaaaaag aagcaaatca 2400
tttgcaactct ataatttgtg gtacagiatit gcttatitgt actttggcat gcatttttgc 2460
aaacaatgct gtaagattta tactactgat aattttgttt tatitgtata caatatagag 2520
tatgcacatt tgggactgca tttotggaaa catactgcaa taggctctct gagcaaaaaca 2580
cctgtaacta aaaaagtga gataagaaaa tactottaaa gctgagtatt tcctaattgt 2640
atagaatctt acagcatctt tgacaaacat ctcccagcaa aagtgcoggt tagtcagggt 2700
tgttgaaaat acagtagaaa agctgattct ggttatctct ttaaggacaa ttaattgtac 2760
agacacataa tgtaacattg tctcaacatt cattcacaga ttgactgtaa attaccttaa 2820
tctttgtgca gactgaagga acaotgtagt ataccccaaa gtgcatttgc ctaggacttc 2880
tcagcttctc ccataggtag tttaacaggc attaaaaattt gtaattgaaa tgttgctttc 2940
actg
2944

```

<210> 86

<211> 589

<212> PRT

<213> Homo sapiens

97/175

<400> 86

Met Ala Glu Ser Gly Glu Ser Gly Gly Pro Pro Gly Ser Gln Asp Ser
 1 5 10 15
 Ala Ala Gly Ala Glu Gly Ala Gly Ala Pro Ala Ala Ala Ala Ser Ala
 20 25 30
 Glu Pro Lys Ile Met Lys Val Thr Val Lys Thr Pro Lys Glu Lys Glu
 35 40 45
 Glu Phe Ala Val Pro Glu Asn Ser Ser Val Gln Gln Phe Lys Glu Glu
 50 55 60
 Ile Ser Lys Arg Phe Lys Ser His Thr Asp Gln Leu Val Leu Ile Phe
 65 70 75 80
 Ala Gly Lys Ile Leu Lys Asp Gln Asp Thr Leu Ser Gln His Gly Ile
 85 90 95
 His Asp Gly Leu Thr Val His Leu Val Ile Lys Thr Gln Asn Arg Pro
 100 105 110
 Gln Asp His Ser Ala Gln Gln Thr Asn Thr Ala Gly Ser Asn Val Thr
 115 120 125
 Thr Ser Ser Thr Pro Asn Ser Asn Ser Thr Ser Gly Ser Ala Thr Ser
 130 135 140
 Asn Pro Phe Gly Leu Gly Gly Leu Gly Gly Leu Ala Gly Leu Ser Ser
 145 150 155 160
 Leu Gly Leu Asn Thr Thr Asn Phe Ser Glu Leu Gln Ser Gln Met Gln
 165 170 175
 Arg Gln Leu Leu Ser Asn Pro Glu Met Met Val Gln Ile Met Glu Asn
 180 185 190
 Pro Phe Val Gln Ser Met Leu Ser Asn Pro Asp Leu Met Arg Gln Leu
 195 200 205
 Ile Met Ala Asn Pro Gln Met Gln Gln Leu Ile Gln Arg Asn Pro Glu
 210 215 220
 Ile Ser His Met Leu Asn Asn Pro Asp Ile Met Arg Gln Thr Leu Glu
 225 230 235 240
 Leu Ala Arg Asn Pro Ala Met Met Gln Glu Met Met Arg Asn Gln Asp
 245 250 255
 Arg Ala Leu Ser Asn Leu Glu Ser Ile Pro Gly Gly Tyr Asn Ala Leu
 260 265 270
 Arg Arg Met Tyr Thr Asp Ile Gln Glu Pro Met Leu Ser Ala Ala Gln
 275 280 285
 Glu Gln Phe Gly Gly Asn Pro Phe Ala Ser Leu Val Ser Asn Thr Ser
 290 295 300
 Ser Gly Glu Gly Ser Gln Pro Ser Arg Thr Glu Asn Arg Asp Pro Leu
 305 310 315 320
 Pro Asn Pro Trp Ala Pro Gln Thr Ser Gln Ser Ser Ser Ala Ser Ser
 325 330 335
 Gly Thr Ala Ser Thr Val Gly Gly Thr Thr Gly Ser Thr Ala Ser Gly
 340 345 350
 Thr Ser Gly Gln Ser Thr Thr Ala Pro Asn Leu Val Pro Gly Val Gly
 355 360 365

98/175

Ala Ser Met Phe Asn Thr Pro Gly Met Gln Ser Leu Leu Gln Gln Ile
 370 375 380
 Thr Glu Asn Pro Gln Leu Met Gln Asn Met Leu Ser Ala Pro Tyr Met
 385 390 395 400
 Arg Ser Met Met Gln Ser Leu Ser Gln Asn Pro Asp Leu Ala Ala Gln
 405 410 415
 Met Met Leu Asn Asn Pro Leu Phe Ala Gly Asn Pro Gln Leu Gln Glu
 420 425 430
 Gln Met Arg Gln Gln Leu Pro Thr Phe Leu Gln Gln Met Arg Asn Pro
 435 440 445
 Asp Thr Leu Ser Ala Met Ser Asn Pro Arg Ala Met Gln Ala Leu Leu
 450 455 460
 Gln Ile Gln Gln Gly Leu Gln Thr Leu Ala Thr Glu Ala Pro Gly Leu
 465 470 475 480
 Ile Pro Gly Phe Thr Pro Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ser Thr Gly Gly
 485 490 495
 Ser Ser Gly Thr Asn Gly Ser Asn Ala Thr Pro Ser Glu Asn Thr Ser
 500 505 510
 Pro Thr Ala Gly Thr Thr Glu Pro Gly His Gln Gln Phe Ile Gln Gln
 515 520 525
 Met Leu Gln Ala Leu Ala Gly Val Asn Pro Gln Leu Gln Asn Pro Glu
 530 535 540
 Val Arg Phe Gln Gln Gln Leu Glu Gln Leu Ser Ala Met Gly Phe Leu
 545 550 555 560
 Asn Arg Glu Ala Asn Leu Gln Ala Leu Ile Ala Thr Gly Gly Asp Ile
 565 570 575
 Asn Ala Ala Ile Glu Arg Leu Leu Gly Ser Gln Pro Ser
 580 585

<210> 87

<211> 2160

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (197).. (496)

<400> 87

gtctttctgt gtctcggtg aggcagccat cttctcttg ccgctgctg gtgttgagg 60
 accctccctg cttcaggga cagctgcag aaagaagaag gtgttacata gaacagccac 120
 agctgatgac aaaaagcttc agattctct aaaaaactg gctgtgaata atatagctg 180
 tattgaagag gtgaacatga ttaaagatga tgggacagtt attcatttca acaatccaa 240
 agtccaagct tccctttctg ctaatacctt tgcaattact ggcatgcag aagccaaacc 300
 aatcacagaa atgcttctg gaattattaag tcagottggt gctgacagtt taacaagcct 360
 taggaagtta gctgaacagt tccaacggca agtcttgac agtaaagcac caaaaccaga 420
 agacattgat gaggaagatg atgatgttc agatttga gaaattttg atgaggcatc 480

99/175

```

aaagaatgaa gctaaactaaa agtttggttt ttggaagctg gcatggacta gatttaacaa 540
atcagctatg tggttccaaa gttttacaga catggagaac atcacctgtt actagttcag 600
taatataaat attttgtata ttaataatgc tgtttggtca gcatttttcg gtcattttgat 660
tttgcatttt gcacttctct ccaggatatt ttttggtca aaatatgaag tattggtgca 720
gtttgagggt gttttggttt ttgattctct gttttttgt tttttgtttg gggatatttt 780
gggtatgta tgtttatgta tgtgtgtggg tatgtgtgta tacagtggag agcaaatgg 840
aaaacagttc tatttatcct cctccctccc cagtagaaat aaaaaaaaaat ctttacattt 900
gttacttttc ttttccccc gtaagacaca gaattaatgg aaagtgaagta tcttggattt 960
caaatctgaa gagattttta coattagtgg ttgattttta atttgcttgg ttaactatca 1020
tatttttcat acacttctct ggatttaaaa tatcttgagg tattttgcca ctgggttcat 1080
gctggagtaa tgggtaacat atctttggtg tggttgccct agattaactt acctagtcag 1140
accocagaaga acttctttta ctagcttgct tcctaaatgc ctttttctct ctccttttgg 1200
tctccaaatg gcctggtcag cttttggtaa tattcttctt catcttccac ctagcttgag 1260
aaggatgttc tccatataga gtttagcgag tgcctaattc ctccttttgt aagattttgt 1320
tcctcagct tgaggaacaa ctccatcttc aactttttat ttctccctga tgttacagt 1380
tggtagattt caaactggaa tagctagcat gtcttgcta aataatttta tgcagccct 1440
atcctgtatc ctagctgttc ttaacagcag gtacaaaaat gcctgtttt cagcaagggt 1500
gaaattggga atgtctttt gaatcagaag aaaataggcc atagactcat ctcccagcac 1560
aaatgggcat tctatgaaat ggtactggcc ctaggaggat ttctcaacc actctctac 1620
tcttgccctt gaacctacct ctgggttga tcttactatt gtagctgct actataacct 1680
cctgactgct tagaataatg ctttgagggg agcactggta aaacacagta tttattttt 1740
tacctcctt agaggactt ggaggtaagt tgcattcatt cactoaagt tccctcttg 1800
tgtctaatag aagcttactt ttgctatat cagcatttgt tacagccaat atttaaggac 1860
aaaatttaga aaatatatca ttctgtggcc catcatcaaa ctaatacagc ttaacctgc 1920
agctaccaac ttttgtgtca agctagatat ctttatttga tatctaaggt gcaagaccaa 1980
caatatatta agagatctgt agacatgaag gcaaagctct tgtattttt ttcattccaa 2040
cacctcaatt tattttataa attcgttcat ttttctgtt atgttttata taatatatgg 2100
actaaacaaa ataaaataac agtgcaaaag aggagaatat ttctcttgt gcttttctt 2160

```

<210> 88

<211> 100

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 88

```

Met Ile Lys Asp Asp Gly Thr Val Ile His Phe Asn Asn Pro Lys Val
  1             5             10             15
Gln Ala Ser Leu Ser Ala Asn Thr Phe Ala Ile Thr Gly His Ala Glu
          20             25             30
Ala Lys Pro Ile Thr Glu Met Leu Pro Gly Ile Leu Ser Gln Leu Gly
          35             40             45
Ala Asp Ser Leu Thr Ser Leu Arg Lys Leu Ala Glu Gln Phe Pro Arg
          50             55             60
Gln Val Leu Asp Ser Lys Ala Pro Lys Pro Glu Asp Ile Asp Glu Glu
          65             70             75             80
Asp Asp Asp Val Pro Asp Leu Val Glu Asn Phe Asp Glu Ala Ser Lys
          85             90             95

```

100/175

Asn Glu Ala Asn
100

<210> 89
<211> 2551
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (42).. (1883)

<400> 89

```
tagacaaagg aaaatgcaaa aagcgaggcg acggcttaaa gatggagaac gacccccagg 60
aggcggagtc tgaatgggcc ctggatgctg agttcctgga cgtgtacaag aactgcaaog 120
gggtggcat gatgttogac attaccaagc agtggacott caattacatt ctccgggagc 180
ttccaaaagt gccacccac gtgccagtgt gcgtgctggg aaactacogg gacatggggc 240
agcacogagt catcctgccg gacgacgtgc gtgacttcat cgacaacctg gacagacctc 300
caggttcttc ctacttccgc tatgctgagt cttccatgaa gaacagcttc ggctaaagt 360
accttcataa gttcttcaat atcccatttt tgcagcttca gagggagacg ctgttgoggc 420
agctggagac gaaccagctg gacatggacg ccacgctgga ggagctgtcg gtgcagcagg 480
agacggagga ccagaactac ggcattcttc tggagatgat ggaggctcgc agccgtggcc 540
atgctgcccc actgggggcc aacgggcaga gccatcccc gggctcccag tcaccagtgg 600
tgctgcagg cgtgtgtcc acggggagct ccagccccgg cacaccccag cccgcccac 660
agctgcccc ctatgtgcc ccaccatcct ctgtgcccc tgtaccaccc tcagaggccc 720
tgccccacc tgcgtgcccc tcagcccccg cccacggcg cagcatcatc tctaggctgt 780
ttggacgtc acctgocacc gaggcagccc ctccacctcc agagccagtc ccggccgcac 840
aggccccagc aacggctccag agtgtggagg actttgttcc tgacgaccgc ctggaccgoa 900
gttctctgga agacacaacc cccgccaggg acgagaagaa ggtggggggc aaggctgccc 960
agcaggacag cgacagtgat ggggaggccc tggcgggcaa cccgatggtg gcagggttcc 1020
aggacgatgt ggacctogaa gaccagccac gtgggagtcc cccgtgcct gcaggccccg 1080
tccccagtca agacatcact ctttcgagtg aggaggaagc agaagtggca gctcccacaa 1140
aaggccctgc ccagctccc cagcagtgtc cagagccaga gaccaagtgg tcctccatac 1200
cagottcgaa gccacggagg gggacagctc ccacgaggac cgcagacccc cctggccag 1260
gcggtgtctc tgttcgcaca ggtccggaga agcgcagcag caccaggccc cctgotgaga 1320
tgagccggg gaaggggtgag caggcctcct cgtcggagag tgaccccgag ggaccattg 1380
ctgcacaaat gctgtccttc gtcattgatg acccgcactt tgagagcag ggatcagaca 1440
cacagcgcag ggcgatgac tttcccgctg gagatgaccc ctccgatgtg actgacgagg 1500
atgaggggcc tgcgagccg cccccacccc ccaagctccc tctcccgcc ttcagactga 1560
agaatgactc ggacctcttc gggctggggc tggaggaggc cggacccaag gagagcagtg 1620
aggaaggtaa ggagggcaaa acccctctta aggagaagaa gaagaagaag aaaaaaggca 1680
aagaggaaga agaaaaagct gccaaaga agagcaaaac caagaagagc aaggacaagg 1740
aggagggcaa ggaggagcgg cgacggcggc agcagcgccc cccgcgcagc agggagagga 1800
cggctgccga tgagctggag gcttctctgg gggcgggggc cccggcgggc gccaccctg 1860
gggttgccga ctacgaggag ctctaggccg gcgtgggcag tggccgccct gggcgggggg 1920
gcgtgcctgt cactgcctgg ggaggcattt gcctctgtac catgcotttt gcogotgccc 1980
cgtggctgoc gtgtgcgctt ctgagctgga agaggccggg cattggtggt cccagggctg 2040
```

101/175

```

ggccctgcag gtgctgggco ttcaggccca gtgtgagcct gctctgcaag aaggaggagg 2100
acagctggct tcagccaggc tcgggtggaca ccttggccct ctgggggcag agccgccagt 2160
gtttctcagg gatgtgactg agggccaggga gggacctgtg aggggtctgt tacagaggct 2220
gggcaggggc cgcttggctg tggggtgtgc gctgccccgg cacctgctg cctccgcgc 2280
tcctctgggg ccgcagcatg cctatggttc cgcttccggc cgggagccct gaacacgggt 2340
gtgcagactc accctaaagg ggggcccagg cccacgcta gaaggctggc gagaccgaag 2400
gcagcatgtg aggcctctcc tgggagtggg ggttgtgtt cccacagtgg cctcagctgc 2460
gccccgcctc aggtgagccc gaaggcagga gccgggaggg actcctcca aacactccac 2520
tcagaccata aagcactcct gtttactot g 2551

```

<210> 90

<211> 614

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 90

```

Met Glu Asn Asp Pro Gln Glu Ala Glu Ser Glu Met Ala Leu Asp Ala
 1           5           10           15
Glu Phe Leu Asp Val Tyr Lys Asn Cys Asn Gly Val Val Met Met Phe
          20           25           30
Asp Ile Thr Lys Gln Trp Thr Phe Asn Tyr Ile Leu Arg Glu Leu Pro
          35           40           45
Lys Val Pro Thr His Val Pro Val Cys Val Leu Gly Asn Tyr Arg Asp
          50           55           60
Met Gly Glu His Arg Val Ile Leu Pro Asp Asp Val Arg Asp Phe Ile
          65           70           75           80
Asp Asn Leu Asp Arg Pro Pro Gly Ser Ser Tyr Phe Arg Tyr Ala Glu
          85           90           95
Ser Ser Met Lys Asn Ser Phe Gly Leu Lys Tyr Leu His Lys Phe Phe
          100          105          110
Asn Ile Pro Phe Leu Gln Leu Gln Arg Glu Thr Leu Leu Arg Gln Leu
          115          120          125
Glu Thr Asn Gln Leu Asp Met Asp Ala Thr Leu Glu Glu Leu Ser Val
          130          135          140
Gln Gln Glu Thr Glu Asp Gln Asn Tyr Gly Ile Phe Leu Glu Met Met
          145          150          155          160
Glu Ala Arg Ser Arg Gly His Ala Ser Pro Leu Ala Ala Asn Gly Gln
          165          170          175
Ser Pro Ser Pro Gly Ser Gln Ser Pro Val Val Pro Ala Gly Ala Val
          180          185          190
Ser Thr Gly Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gln Pro Ala Pro Gln Leu
          195          200          205
Pro Leu Asn Ala Ala Pro Pro Ser Ser Val Pro Pro Val Pro Pro Ser
          210          215          220
Glu Ala Leu Pro Pro Pro Ala Cys Pro Ser Ala Pro Ala Pro Arg Arg
          225          230          235          240
Ser Ile Ile Ser Arg Leu Phe Gly Thr Ser Pro Ala Thr Glu Ala Ala

```


102/175

245 250 255
 Pro Pro Pro Pro Glu Pro Val Pro Ala Ala Gln Gly Pro Ala Thr Val
 260 265 270
 Gln Ser Val Glu Asp Phe Val Pro Asp Asp Arg Leu Asp Arg Ser Phe
 275 280 285
 Leu Glu Asp Thr Thr Pro Ala Arg Asp Glu Lys Lys Val Gly Ala Lys
 290 295 300
 Ala Ala Gln Gln Asp Ser Asp Ser Asp Gly Glu Ala Leu Gly Gly Asn
 305 310 315 320
 Pro Met Val Ala Gly Phe Gln Asp Asp Val Asp Leu Glu Asp Gln Pro
 325 330 335
 Arg Gly Ser Pro Pro Leu Pro Ala Gly Pro Val Pro Ser Gln Asp Ile
 340 345 350
 Thr Leu Ser Ser Glu Glu Glu Ala Glu Val Ala Ala Pro Thr Lys Gly
 355 360 365
 Pro Ala Pro Ala Pro Gln Gln Cys Ser Glu Pro Glu Thr Lys Trp Ser
 370 375 380
 Ser Ile Pro Ala Ser Lys Pro Arg Arg Gly Thr Ala Pro Thr Arg Thr
 385 390 395 400
 Ala Ala Pro Pro Trp Pro Gly Gly Val Ser Val Arg Thr Gly Pro Glu
 405 410 415
 Lys Arg Ser Ser Thr Arg Pro Pro Ala Glu Met Glu Pro Gly Lys Gly
 420 425 430
 Glu Gln Ala Ser Ser Ser Glu Ser Asp Pro Glu Gly Pro Ile Ala Ala
 435 440 445
 Gln Met Leu Ser Phe Val Met Asp Asp Pro Asp Phe Glu Ser Glu Gly
 450 455 460
 Ser Asp Thr Gln Arg Arg Ala Asp Asp Phe Pro Val Arg Asp Asp Pro
 465 470 475 480
 Ser Asp Val Thr Asp Glu Asp Glu Gly Pro Ala Glu Pro Pro Pro Pro
 485 490 495
 Pro Lys Leu Pro Leu Pro Ala Phe Arg Leu Lys Asn Asp Ser Asp Leu
 500 505 510
 Phe Gly Leu Gly Leu Glu Glu Ala Gly Pro Lys Glu Ser Ser Glu Glu
 515 520 525
 Gly Lys Glu Gly Lys Thr Pro Ser Lys Glu Lys Lys Lys Lys Lys
 530 535 540
 Lys Gly Lys Glu Glu Glu Glu Lys Ala Ala Lys Lys Lys Ser Lys His
 545 550 555 560
 Lys Lys Ser Lys Asp Lys Glu Glu Gly Lys Glu Glu Arg Arg Arg Arg
 565 570 575
 Gln Gln Arg Pro Pro Arg Ser Arg Glu Arg Thr Ala Ala Asp Glu Leu
 580 585 590
 Glu Ala Phe Leu Gly Gly Gly Ala Pro Gly Gly Arg His Pro Gly Gly
 595 600 605
 Gly Asp Tyr Glu Glu Leu
 610

103/175

<210> 91
<211> 3133
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (113).. (1879)

<400> 91

```
agcgaccgaa ctctggcggg ggtgggtaag acggcgaagg cggcagcggc ggcgacagct 60
ctggggtttg cgtctcgggg tgtgtoggcc gccgtgctg ctggggcctg gtatgtacag 120
atggotgggt aggattctcg gcaccatttt ccgtttctgc gaccggctcg tgccccctgc 180
cggggccctc ctgaagaggg ggcgctcaga cagcactctg ttttctacag tggacactga 240
tgaataacca gccaaaagac caagattaga ttgctttatt caocaaagtga aaaacagtct 300
ctacaatgct gccagcttat ttggattccc attccagctg accacaaagc ccatggtaac 360
ttctgcttgt aatggaacac ggaatgtggc cccttcagga gaggtatttt cgaactcttc 420
atcttgtgaa ctgacagggt ctggatcctg gaacaacatg ctgaaactgg gtaataaatc 480
tcctaattgga ataagtgaat atccaaagat cagagtgaac gttaccggag atcagccacg 540
cagagtctctg ccttcctttg gttttacttt gaactcagaa ggctgtaata gaagaccagg 600
tgcccgctgc catagcaaaag gtaatccaga gacttcttta atgtggaac ctcaggaaca 660
ggctgtaaca gagatgattt ctgaagagag tggcaagggt ctgaggcgtc ccattgttac 720
tgtggaggag ggtgttcaaa aagaggaaag agagaagtac cgaagttat tggaacgact 780
taaagaaagt ggtcatggaa actctgtctg tcctgtaact tcaaattatc acagttctca 840
aagaagtcag atggacacat taaagacca aggtcggggg gaagagcaaa atcacggagt 900
caaaacaact cagtttggtc caaaacaata tagacttggt gaaacaaggg gacctctatg 960
ttcattgaga agtgaaaaga ggtgttcaaa ggggaaaatt actgatacag agaagatggt 1020
cggaatcaga ttgaaaatg aaagtaggag gggataccaa ctggagcctg acctatcaga 1080
agaagtgtcg gcccgactcc gccctggcag tggaaagcaat ggcttactca ggaggaaagt 1140
gtcaataatt gagacaaagg aaaagaattg ctcaggcaaa gagagggaca gaagaacgga 1200
cgatctcctt gaaattacag aggacatgga aaaggaaatc agtaatgcc taggccatgg 1260
cccacaggat gaaatcctaa gtagtgcttt caaattgcga attactcgag gagatattca 1320
tacattaaag aactatcact ggtcfaatga tgaagtcatt aatttttaca tgaatctct 1380
ggtggaaaga aataaaaagc aaggctatcc agcacttcat gtattcagta ctttcttcta 1440
tcctaaatta aagtctgggg gttaccaagc agtgaaacga tggaccaaag gggtaaatct 1500
cttgaacaa gaaattatc tgggtcctat tcatoggaag gtacattgga gcctggtggt 1560
gattgacctg agaaaaaagt gtcttaataa tctggattct atgggacaaa agggccacag 1620
gatctgtgag attctccttc agtatttaca ggatgaaagt aagaccaaaa gaaatagtga 1680
totgaatctt tttagagtga cccatcacag catgaaacca cagagattc ctcaacagct 1740
gaatgggagt gattgtggaa tgtttacttg taaatatgca gattatatt ctagggacaa 1800
acctatcaca ttactcagc accagatgcc tctcttcgg aagaagatgg tgtgggaaat 1860
ccttcacag cagttgctgt gagaacactt tgccctggcc ctctagctgc tgggtgttct 1920
ttcacagaca ttccatata cctcatgcat tgtgggttaa aaagtcctg catcacttct 1980
gttctcacag gtactgagct gtcaaaagt catgaaggcc tctcactgta ctctagtct 2040
gacttggggg gcagagggt gcttgcaatc ctgtttgtaa ggctgtgct gctcagagct 2100
ttggactgtt caaccacac aagaacaaac gctaactaat atttttttta agagattctt 2160
ttccctatga atgtgggaaa tgcaggattt attctgtgaa ttgtttgttt ctgtgtgttt 2220
```

104/175

```

gttcagcgta ttcattcact cactcgtttg caaacataat gggcagtggc catttactgc 2280
tgctcttita cagttagctc taaattactt gtttgaacta tttattctg aaaggaatgt 2340
tactcaagct gccactccct gctgaagagc aggagggaac tctcactggg ggcggaagga 2400
agtggagctg gagcagtaac tgccaacatg aagctggagg gtttgggatt ttttttgtt 2460
ttgttttttt gaggotcaaa aaatgctggg agaaatgaaa atgctgtggg atagggotcc 2520
tgttgccttt cagaggaagt ctgacactac agcgttggca cagtgccgtg aacagtggaa 2580
ctgtgcccaa gggactctga ctatccaagc atcttccgaa gagtgttgtg gtcaccttaa 2640
agagacttcc ctttctggaa atgtggtgac ttggcttagt cttcaaaactg gattcatgga 2700
tttgaagtaa ctgtaaacct taaatcttca tttcatccc agatctggtt gagtataaac 2760
ctcagaattg taggggctgg cctgagctgt ttatttcaaa agatactatt caatttaaag 2820
ctatttttcc tcagagtttt tgttttctat atattaagtc taaattaagt tttctactca 2880
ttaagactaa catctcccca ctccatcccc actgaaattt gtggaagaaa atttagtact 2940
tggctctgag gttgccagtt atacaataat ctattttgca tatgaaagtt tgtatttaac 3000
ttttttgttc attaaaaacc ttactgatat ggttataact tcagacagtt tagagttggt 3060
cagaacatat ttgcaagat ctagtgccta gtgttgcttt tctgatgtaa taaaagtggt 3120
tctggcagaa cct 3133

```

<210> 92

<211> 589

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 92

```

Met Tyr Arg Trp Leu Val Arg Ile Leu Gly Thr Ile Phe Arg Phe Cys
 1           5           10           15
Asp Arg Ser Val Pro Pro Ala Arg Ala Leu Leu Lys Arg Arg Arg Ser
 20           25           30
Asp Ser Thr Leu Phe Ser Thr Val Asp Thr Asp Glu Ile Pro Ala Lys
 35           40           45
Arg Pro Arg Leu Asp Cys Phe Ile His Gln Val Lys Asn Ser Leu Tyr
 50           55           60
Asn Ala Ala Ser Leu Phe Gly Phe Pro Phe Gln Leu Thr Thr Lys Pro
 65           70           75           80
Met Val Thr Ser Ala Cys Asn Gly Thr Arg Asn Val Ala Pro Ser Gly
 85           90           95
Glu Val Phe Ser Asn Ser Ser Ser Cys Glu Leu Thr Gly Ser Gly Ser
100          105          110
Trp Asn Asn Met Leu Lys Leu Gly Asn Lys Ser Pro Asn Gly Ile Ser
115          120          125
Asp Tyr Pro Lys Ile Arg Val Thr Val Thr Arg Asp Gln Pro Arg Arg
130          135          140
Val Leu Pro Ser Phe Gly Phe Thr Leu Asn Ser Glu Gly Cys Asn Arg
145          150          155          160
Arg Pro Gly Gly Arg Arg His Ser Lys Gly Asn Pro Glu Ser Ser Leu
165          170          175
Met Trp Lys Pro Gln Glu Gln Ala Val Thr Glu Met Ile Ser Glu Glu
180          185          190

```

105/175

Ser Gly Lys Gly Leu Arg Arg Pro His Cys Thr Val Glu Glu Gly Val
 195 200 205
 Gln Lys Glu Glu Arg Glu Lys Tyr Arg Lys Leu Leu Glu Arg Leu Lys
 210 215 220
 Glu Ser Gly His Gly Asn Ser Val Cys Pro Val Thr Ser Asn Tyr His
 225 230 235 240
 Ser Ser Gln Arg Ser Gln Met Asp Thr Leu Lys Thr Lys Gly Trp Gly
 245 250 255
 Glu Glu Gln Asn His Gly Val Lys Thr Thr Gln Phe Val Pro Lys Gln
 260 265 270
 Tyr Arg Leu Val Glu Thr Arg Gly Pro Leu Cys Ser Leu Arg Ser Glu
 275 280 285
 Lys Arg Cys Ser Lys Gly Lys Ile Thr Asp Thr Glu Lys Met Val Gly
 290 295 300
 Ile Arg Phe Glu Asn Glu Ser Arg Arg Gly Tyr Gln Leu Glu Pro Asp
 305 310 315 320
 Leu Ser Glu Glu Val Ser Ala Arg Leu Arg Leu Gly Ser Gly Ser Asn
 325 330 335
 Gly Leu Leu Arg Arg Lys Val Ser Ile Ile Glu Thr Lys Glu Lys Asn
 340 345 350
 Cys Ser Gly Lys Glu Arg Asp Arg Arg Thr Asp Asp Leu Leu Glu Leu
 355 360 365
 Thr Glu Asp Met Glu Lys Glu Ile Ser Asn Ala Leu Gly His Gly Pro
 370 375 380
 Gln Asp Glu Ile Leu Ser Ser Ala Phe Lys Leu Arg Ile Thr Arg Gly
 385 390 395 400
 Asp Ile His Thr Leu Lys Asn Tyr His Trp Leu Asn Asp Glu Val Ile
 405 410 415
 Asn Phe Tyr Met Asn Leu Leu Val Glu Arg Asn Lys Lys Gln Gly Tyr
 420 425 430
 Pro Ala Leu His Val Phe Ser Thr Phe Phe Tyr Pro Lys Leu Lys Ser
 435 440 445
 Gly Gly Tyr Gln Ala Val Lys Arg Trp Thr Lys Gly Val Asn Leu Phe
 450 455 460
 Glu Gln Glu Ile Ile Leu Val Pro Ile His Arg Lys Val His Trp Ser
 465 470 475 480
 Leu Val Val Ile Asp Leu Arg Lys Lys Cys Leu Lys Tyr Leu Asp Ser
 485 490 495
 Met Gly Gln Lys Gly His Arg Ile Cys Glu Ile Leu Leu Gln Tyr Leu
 500 505 510
 Gln Asp Glu Ser Lys Thr Lys Arg Asn Ser Asp Leu Asn Leu Leu Glu
 515 520 525
 Trp Thr His His Ser Met Lys Pro His Glu Ile Pro Gln Gln Leu Asn
 530 535 540
 Gly Ser Asp Cys Gly Met Phe Thr Cys Lys Tyr Ala Asp Tyr Ile Ser
 545 550 555 560
 Arg Asp Lys Pro Ile Thr Phe Thr Gln His Gln Met Pro Leu Phe Arg
 565 570 575

106/175

Lys Lys Met Val Trp Glu Ile Leu His Gln Gln Leu Leu
 580 585

<210> 93
 <211> 2987
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (145).. (1926)

<400> 93
 gaaaaacata ctattccttt gtagtccag aaagaaacat catcttcaga taataagaaa 60
 cagataccta atgaagcttc tgotagaagt gaaagagaca catcagacct agagcaaaac 120
 tggtcattgc aagatcatta tagaatgtat tcaccataaa tataccaagc cctctgtgag 180
 cacgtgcaga ctcagatgtc actgatgaat gacttgactt caaagaacat ccctaattgga 240
 attcctgctg taccatgcc a tgcctcctct cattctgaat ctcaggcaac tcctcattct 300
 agttatggct tatgtacct caccocagtc tggcacttc agcggccacc ctgccctcca 360
 aaggttcatt ctgaagttca aactgatggc aacagtcagt ttgcataca agaggattca 420
 gaaattcaga ggttgattac agaaatggag gcatgtatat ctgtacttcc aacagtaagt 480
 ggaaacacag atattcaagt tgagatagca ctggccatgc aaccattaag aagtgagaat 540
 gctcagttac gaaggcagtt gagaattttg aaccagcaac tcagagaaca acagaaaact 600
 caaaaaccat ctggtgctgt ggattgcaac ctigaattgt tttctcttca gtcattgaat 660
 atgtcactgc aaaatcaatt ggaggagtca ctaaagagcc aggaattact gcagagtaaa 720
 aatgaagagc tgttaaaagt gattgaaaat cagaaagatg aaaacaaaaa atttagtagt 780
 atatttaaag acaaagatca aactatactt gaaaataaac agcaatatga tattgagata 840
 acaagaataa aaattgaatt ggaggaagcc ctagtcaatg tgaaaagctc ccagtttaag 900
 ttagaaactg ctgaaaagga aaaccagata ttggggataa cattacgtca gcgtgatgct 960
 gaggtgactc gactaagaga attaaccaga actttacaga ctatgatggc aaagottctc 1020
 tccgatctta gtgtggacag tgcctgctgc aagcctggga ataacccttac caaatcactc 1080
 ttgaacattc atgataaaca acttcaacat gaccagctc ctgctcacac ttcataatg 1140
 agctatctaa ataagttaga aacaaattac agttttacac attcagagcc actttctaca 1200
 attaaaaatg aggaaccat agagccagac aaaacctatg aaaatgttct gtcctccaga 1260
 ggccctcaga atagtaacac taggggcatg gaggaagcat ctgcacctgg aattatttct 1320
 gccctttcaa aacaggattc tgatgaaggg agtgaaacta tggctttaat agaagatgag 1380
 cataatttgg ataatacaat ttacattcct tttgctagaa gaactcctga aaagaaatca 1440
 ccactttcta agagactatc cctcagcca caaataagag cagctacaac acagctagtc 1500
 agcaacagtg gacttgctgt ctctggaaaa gaaaataaac tgtgtacacc tgtaatctgt 1560
 tcctcttcaa caaaggaagc agaagatgca cctgaaaaac tttccagagc atctgatatg 1620
 aaggacaçac agctcctcaa gaaaataaag gaagcaattg gtaagatccc tgcgccacc 1680
 aaggagccag aggaacaaac tgcatgtcat ggcccatcag gttgtcttag caacagcctt 1740
 caagtgaag goaatactgt ctgtgatggg agtgttttca cttctgactt gatgtctgac 1800
 tggagcatct cttcgttttc aacgttcaat totc-tgat- aacaagaact cagaaatggc 1860
 cttgcggcat tagatgccaa catagctaga ctccagaagt ctttaaggac tggctctctg 1920
 gagaaatgaa ttcagaagaa aattcatcag gtgcttcttt ttaaaactag aacttggcta 1980
 tattgaatgt gtatttttct ttagtgaat gatgtttat gttattatgt gtgaagtaat 2040

107/175

```

atattgtaca agtaataaat gtattgttga gatatttga cactgaggag cttataaaaa 2100
caagtcacat taagttcaca attgctacaa gaagaaagt gtggataact aggaaattat 2160
tgtaagtaat gttttatttc agtacttagc aattagagtt cttttattaa gatgtatctg 2220
ctggattaag ggtacagggt gaaatagtgc tgtggctgtc ctaagaaata atgggaaaag 2280
aatctctgga tgtaagtttt tctgttgaaa ctagagggtt tttttttct gtttacatat 2340
actttttttt aatagcaatg tgtttttatt aaacatgotg tgtgccacag gccagtgttg 2400
ttggtgaaat atataaacat ttatttaaag agaaaagtta ccagtatcta cacctcttaa 2460
aaaacattga ttggtctaaa aaatatatag ataacatcct aagttaacat atggcttctt 2520
aaaacttggg cacttttatt tgtttttatt ccaaattcat gttttaagga ctttaaagaa 2580
tagtcagact gataaagaag tgctaacaga taagctatag ttggggaaat ttgtgggttt 2640
tttttaata agaaatgttt atttttgtcc ttatatttaa acatgatgga atttgtaa 2700
cttggcattg attgtaatto tgcctttttg gaagaatttt ttctccagc atgttagctg 2760
agaatattct ctattttata aataatatga agtaggttgg tctctctgct tototatacc 2820
aggacttctt agctcagtat catctccctt catgtaagca gcacgtttta actcttagga 2880
agctgaatgt tgtgttatca ctaatacttt gtacagggtc cctgctact ctaattgtcc 2940
ttagtacttg gacaggcttt atcattaaag agtgtctccc taatccc 2987

```

<210> 94

<211> 594

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 94

```

Met Tyr Ser Pro Ile Ile Tyr Gln Ala Leu Cys Glu His Val Gln Thr
 1           5           10          15
Gln Met Ser Leu Met Asn Asp Leu Thr Ser Lys Asn Ile Pro Asn Gly
 20          25          30
Ile Pro Ala Val Pro Cys His Ala Pro Ser His Ser Glu Ser Gln Ala
 35          40          45
Thr Pro His Ser Ser Tyr Gly Leu Cys Thr Ser Thr Pro Val Trp Ser
 50          55          60
Leu Gln Arg Pro Pro Cys Pro Pro Lys Val His Ser Glu Val Gln Thr
 65          70          75          80
Asp Gly Asn Ser Gln Phe Ala Ser Gln Glu Asp Ser Glu Ile Gln Arg
 85          90          95
Leu Ile Thr Glu Met Glu Ala Cys Ile Ser Val Leu Pro Thr Val Ser
100         105         110
Gly Asn Thr Asp Ile Gln Val Glu Ile Ala Leu Ala Met Gln Pro Leu
115         120         125
Arg Ser Glu Asn Ala Gln Leu Arg Arg Gln Leu Arg Ile Leu Asn Gln
130         135         140
Gln Leu Arg Glu Gln Gln Lys Thr Gln Lys Pro Ser Gly Ala Val Asp
145         150         155         160
Cys Asn Leu Glu Leu Phe Ser Leu Gln Ser Leu Asn Met Ser Leu Gln
165         170         175
Asn Gln Leu Glu Ser Leu Lys Ser Gln Glu Leu Leu Gln Ser Lys
180         185         190

```

108/175

Asn Glu Glu Leu Leu Lys Val Ile Glu Asn Gln Lys Asp Glu Asn Lys
 195 200 205
 Lys Phe Ser Ser Ile Phe Lys Asp Lys Asp Gln Thr Ile Leu Glu Asn
 210 215 220
 Lys Gln Gln Tyr Asp Ile Glu Ile Thr Arg Ile Lys Ile Glu Leu Glu
 225 230 235 240
 Glu Ala Leu Val Asn Val Lys Ser Ser Gln Phe Lys Leu Glu Thr Ala
 245 250 255
 Glu Lys Glu Asn Gln Ile Leu Gly Ile Thr Leu Arg Gln Arg Asp Ala
 260 265 270
 Glu Val Thr Arg Leu Arg Glu Leu Thr Arg Thr Leu Gln Thr Ser Met
 275 280 285
 Ala Lys Leu Leu Ser Asp Leu Ser Val Asp Ser Ala Arg Cys Lys Pro
 290 295 300
 Gly Asn Asn Leu Thr Lys Ser Leu Leu Asn Ile His Asp Lys Gln Leu
 305 310 315 320
 Gln His Asp Pro Ala Pro Ala His Thr Ser Ile Met Ser Tyr Leu Asn
 325 330 335
 Lys Leu Glu Thr Asn Tyr Ser Phe Thr His Ser Glu Pro Leu Ser Thr
 340 345 350
 Ile Lys Asn Glu Glu Thr Ile Glu Pro Asp Lys Thr Tyr Glu Asn Val
 355 360 365
 Leu Ser Ser Arg Gly Pro Gln Asn Ser Asn Thr Arg Gly Met Glu Glu
 370 375 380
 Ala Ser Ala Pro Gly Ile Ile Ser Ala Leu Ser Lys Gln Asp Ser Asp
 385 390 395 400
 Glu Gly Ser Glu Thr Met Ala Leu Ile Glu Asp Glu His Asn Leu Asp
 405 410 415
 Asn Thr Ile Tyr Ile Pro Phe Ala Arg Ser Thr Pro Glu Lys Lys Ser
 420 425 430
 Pro Leu Ser Lys Arg Leu Ser Pro Gln Pro Gln Ile Arg Ala Ala Thr
 435 440 445
 Thr Gln Leu Val Ser Asn Ser Gly Leu Ala Val Ser Gly Lys Glu Asn
 450 455 460
 Lys Leu Cys Thr Pro Val Ile Cys Ser Ser Ser Thr Lys Glu Ala Glu
 465 470 475 480
 Asp Ala Pro Glu Lys Leu Ser Arg Ala Ser Asp Met Lys Asp Thr Gln
 485 490 495
 Leu Leu Lys Lys Ile Lys Glu Ala Ile Gly Lys Ile Pro Ala Ala Thr
 500 505 510
 Lys Glu Pro Glu Glu Gln Thr Ala Cys His Gly Pro Ser Gly Cys Leu
 515 520 525
 Ser Asn Ser Leu Gln Val Lys Gly Asn Thr Val Cys Asp Gly Ser Val
 530 535 540
 Phe Thr Ser Asp Leu Met Ser Asp Trp Ser Ile Ser Ser Phe Ser Thr
 545 550 555 560
 Phe Thr Ser Arg Asp Glu Gln Asp Phe Arg Asn Gly Leu Ala Ala L u
 565 570 575

109/175

Asp Ala Asn Ile Ala Arg Leu Gln Lys Ser Leu Arg Thr Gly Leu Leu
 580 585 590

Glu Lys

<210> 95
 <211> 2534
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (84).. (1550)

<400> 95

```

ccttggccaa gaagttgcc aaccacacgg gcagccccc gggccactca ccaactgcct 60
ctcctcctcc tacggcccga aagatgttcc caggcctggc tgcaccctcc ttgcccaaga 120
agctgaagcc tgaacaaata cgggtggaga tcaagcggga gatgctgccg ggggcccttc 180
atggggaact gcacccatct gaggtccctt ggggggcacc acgggaagac atgacacccc 240
tgaacctgtc gtcccgggca gagccggtgc ggcacatccg ctgtgagttc tgcggcgagt 300
tcttcgagaa ccgcaagggc ctgtcgagtc acgcgcgctc acacctggcg cagatgggtg 360
tgaccgagtg gtccgtcaat ggttcgcca tcgacacact gcgagagatc ctcaagaaga 420
agtccaagcc gtgcctcatc aagaaggagc caccggctgg agacctggcc cctgccttgg 480
ctgaggacgg gcctccacc gtggccctg ggcctgca gtcccaactg ccgctgtcgc 540
ccctggctgg ccggccaggc aaaccaggtg caggccgggc ccaggttcct cgtgagctca 600
gcctgacgcc catcaactgg gccaagccct cagccactgg ctacctgggc tcagtggcag 660
ccaagcggcc cctgcaggag gaccgcctcc tccagcaga ggtcaaggcc aagacctaca 720
tccagactga actgcccttc aaggcaaaga cccttcatga gaagacctcc cactcctcca 780
ccgaggcctg ctgcgagctg tgtggccttt actttgaaa ccgcaaggcc ctggccagcc 840
acgcacgggc acacctgcgg cagttcggcg tgaccgagtg gtgogtcaat ggctcggcca 900
tcgagacact gagcgagtgg atcaaacacc ggcccagaa ggtggggcgc taccgcagot 960
acatccaggg cggccgcccc ttaccaaga agttccgcag tgcggccat ggccgtgaca 1020
gtgacaagcg gccgtccctg gggctggcac ccgggggcct ggccgtggtc ggccgcagt 1080
ccggagggga gccagggcc gaggtggcc gggcagccga cgggtgtgag cggcctctgg 1140
cagccagccc gccaggcacc gtgaaggctg aggagacca gcggcagaac atcaacaaat 1200
ttgaacgccg acaagccgc cctccagatg cctccgcagc ccggggaggc gaggacacca 1260
atgaacctaca gcagaagctg gaggagtg ggoaaccccc accccgagtc cggccagtcc 1320
cctccctggt gcccggccc cccagacat cacttgcata gttcgtgggc aacatctaca 1380
ccctcaaatg caggttctgt gaggtggaat tccaggccc cctctccatc caggaagagt 1440
gggtgcggca cttacagogg cacatcctgg agatgaactt ctccaaagcg gacccccac 1500
ctgaggagtc ccaggcccg caggcacaga cagcggggc agaggctccc taacacaaaa 1560
gcattccaga tcccctctg tgccacctt gtctctott cttcctctc tgtgtctcg 1620
tccctcttcc tctttctt cgtttccaaa ggagaagcc aaaacctcaa accggcgccc 1680
cttggggggc gggcacacta cagccagggc gccggggagg agctagctgc ccttcccca 1740
gcccaggagc tctggggcca cagggtgtt tcttcagcc catgccacc tggtcagca 1800
ggggcagcag ccaggctct gatggcagc ggtctggtc caggggagga cagcactccc 1860
cgtctagca gccaggcagg gogatgtct ccatccgtg ccatttgcaa agaccccaaa 1920

```


110/175

```

gacccctgtt ctggttcctt ctctcccca tgaatctct ctcacacaca tgtacatgcg 1980
aacacacaca acacgcacct cgtgagacc gggacctgcc ccggaccccc agttcctggg 2040
ttgaacgacc acatcatgcc acggtgcttg ctcaggggaa gccacgctcc ctctgtgggg 2100
cctgctgggg cctggggagg cccactgag cccacaatgc caccgaaatc cttgttggct 2160
gcccccgaga ggggccttcc cagctgggaa gagctcagag ctgacagctg cctcctgcca 2220
tgtcaaggcc ccccaaagag cctcaggggc tctggggccc tggagggtgg ggttgggggg 2280
tgggactctc ctccccactt cctgctccct ctcccttttc actgttgctt tctatgtata 2340
gtcccttaga cctttcactt ttttaaaaac gogttttgtg tagagaataa ggaacgtgga 2400
tctttttatt ttgcaatcct gggccagcta gaagccagga gctgattgac cttttaactt 2460
ttttcagtgg ccacattttg gttatcgatg tacctagaag tatgtaaatt agattaaatt 2520
tctcttctgg aaac 2534

```

<210> 96

<211> 489

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 96

```

Met Phe Pro Gly Leu Ala Ala Pro Ser Leu Pro Lys Lys Leu Lys Pro
  1           5           10           15
Glu Gln Ile Arg Val Glu Ile Lys Arg Glu Met Leu Pro Gly Ala Leu
  20           25           30
His Gly Glu Leu His Pro Ser Glu Gly Pro Trp Gly Ala Pro Arg Glu
  35           40           45
Asp Met Thr Pro Leu Asn Leu Ser Ser Arg Ala Glu Pro Val Arg Asp
  50           55           60
Ile Arg Cys Glu Phe Cys Gly Glu Phe Phe Glu Asn Arg Lys Gly Leu
  65           70           75           80
Ser Ser His Ala Arg Ser His Leu Arg Gln Met Gly Val Thr Glu Trp
  85           90           95
Ser Val Asn Gly Ser Pro Ile Asp Thr Leu Arg Glu Ile Leu Lys Lys
 100           105           110
Lys Ser Lys Pro Cys Leu Ile Lys Lys Glu Pro Pro Ala Gly Asp Leu
 115           120           125
Ala Pro Ala Leu Ala Glu Asp Gly Pro Pro Thr Val Ala Pro Gly Pro
 130           135           140
Val Gln Ser Pro Leu Pro Leu Ser Pro Leu Ala Gly Arg Pro Gly Lys
 145           150           155           160
Pro Gly Ala Gly Pro Ala Gln Val Pro Arg Glu Leu Ser Leu Thr Pro
 165           170           175
Ile Thr Gly Ala Lys Pro Ser Ala Thr Gly Tyr Leu Gly Ser Val Ala
 180           185           190
Ala Lys Arg Pro Leu Gln Glu Asp Arg Leu Leu Pro Ala Glu Val Lys
 195           200           205
Ala Lys Thr Tyr Ile Gln Thr Glu Leu Pro Phe Lys Ala Lys Thr Leu
 210           215           220
His Glu Lys Thr Ser His Ser Ser Thr Glu Ala Cys Cys Glu Leu Cys

```

111/175

225 230 235 240
 Gly Leu Tyr Phe Glu Asn Arg Lys Ala Leu Ala Ser His Ala Arg Ala
 245 250 255
 His Leu Arg Gln Phe Gly Val Thr Glu Trp Cys Val Asn Gly Ser Pro
 260 265 270
 Ile Glu Thr Leu Ser Glu Trp Ile Lys His Arg Pro Gln Lys Val Gly
 275 280 285
 Ala Tyr Arg Ser Tyr Ile Gln Gly Gly Arg Pro Phe Thr Lys Lys Phe
 290 295 300
 Arg Ser Ala Gly His Gly Arg Asp Ser Asp Lys Arg Pro Ser Leu Gly
 305 310 315 320
 Leu Ala Pro Gly Gly Leu Ala Val Val Gly Arg Ser Ala Gly Gly Glu
 325 330 335
 Pro Gly Pro Glu Ala Gly Arg Ala Ala Asp Gly Gly Glu Arg Pro Leu
 340 345 350
 Ala Ala Ser Pro Pro Gly Thr Val Lys Ala Glu Glu His Gln Arg Gln
 355 360 365
 Asn Ile Asn Lys Phe Glu Arg Arg Gln Ala Arg Pro Pro Asp Ala Ser
 370 375 380
 Ala Ala Arg Gly Gly Glu Asp Thr Asn Asp Leu Gln Gln Lys Leu Glu
 385 390 395 400
 Glu Val Arg Gln Pro Pro Pro Arg Val Arg Pro Val Pro Ser Leu Val
 405 410 415
 Pro Arg Pro Pro Gln Thr Ser Leu Val Lys Phe Val Gly Asn Ile Tyr
 420 425 430
 Thr Leu Lys Cys Arg Phe Cys Glu Val Glu Phe Gln Gly Pro Leu Ser
 435 440 445
 Ile Gln Glu Glu Trp Val Arg His Leu Gln Arg His Ile Leu Glu Met
 450 455 460
 Asn Phe Ser Lys Ala Asp Pro Pro Pro Glu Glu Ser Gln Ala Pro Gln
 465 470 475 480
 Ala Gln Thr Ala Ala Ala Glu Ala Pro
 485

<210> 97

<211> 3741

<212> DNA

<213> Homo. sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (110).. (892)

<400> 97

attgaagatt aaacgttctc tcttcaacta ccatgacacg aggatccatg cctgcctcta 60
 ctttattggc cctactggac attcactaaa gtccctggat ctggtcacca tgaaaaagct 120
 ggacagtaag gtgaacatca ttccaataat tgcaaaaagct gacaccattg ccaagaatga 180

aotgcacaaa ttcaagagta agatcatgag tgaactgggc agcaatgggg tccagatata 240
tcagtttccc actgatgaag aaacgggtggc agagattaac gcaacaatga gtgtccatct 300
ccattttgca gtggttggca gcaccgaaga ggtgaagatt ggcaacaaga tggcaaaggc 360
caggcagtac ccctgggggtg tgggtgcaggt tgagaatgaa aatcattgag attttgtgaa 420
acttcgagag atgctgatcc gcgtgaacat ggaggacttg cgagagcaga ctacaccccg 480
ccactatgaa ttgtaccgac gotgtaagot tgaagagatg gggttcaagg acactgaccc 540
tgacagcaaa cccttcagtc ttcaggagac atatgaagca aaaaggaatg aattcctggg 600
agaactgcag aagaaaagaag aagaaatgag acaaatgttt gttatgagag tgaaggagaa 660
agaagotgaa cttaaggagg cagagaaaga gcttcacgag aagtttgacc ttctaaagcg 720
gacacaccaa gaagaaaaga agaaagtggc agacaagaag aaggagcttg aggaggagg 780
gaacaacttc cagaagaaga aagcagcggc tcagttacta cagtccagg cccagcaatc 840
tggggcccag caaaccaaga aagacaagga taagaaaaat gcaagcttca cataaagcct 900
ggcagaccaa gtagtttccc gcattcacct gctttgacg taatatcgta tctctgccat 960
gtgtgttctt tagttttatt ttattttatt ttattttttt acccttctc aaacaccagt 1020
aactattatt aactcgtttt gctgaatgtt gttgggtggt agaaaatgat agaacaagg 1080
aataaccgag aatgctctgt gcagctggac tctgtttccg gaaagtaa at gatttgctt 1140
ttatgcctgt tctgaatggc agcacgaagc aggcctgtta cttgtatgtc gctttggaca 1200
gaggaaagtg ggttaaaatg ctacctgtac gtctgacatg aaaacttctc accgcctcag 1260
cagctgaact aaaaacctga atagccatga caagagtttg cattttcttg atgattcatc 1320
tccatgagtg cacaatccct gaactcacgt tctttctcc acacttgtcc taagccaagg 1380
tagatttgta cgtagacaga ctggtagaca agcattatat ttatttttta ccttgcattg 1440
acattttcat tttaatcaat aacattattt ggcctgggct tgtgggtctg ttoagactgt 1500
ctcctctcat gttttgaaac tgcattgaa tgcctgcct caatcctggc caagttggag 1560
tagactggta tgagaaaact atgattagtt cacatttact ggtgcattct tgatcctctc 1620
acagatagag gtcttaaagg ttggatcatg taacattgct tagtagaaga atctttctct 1680
aaggatgatg ggctttctac agcctgctta ccactaacag taaggaatct ttcataaaca 1740
cacctcagtt tgttcccagt gggcttagag ggaggacctg atgactgatt ccaggatact 1800
tgtacttcta ataacatttt tcatgaatca tgagaaaatt tccacagata ctcccttag 1860
aaaatttgct ataaactctg tatcattggt agcaaaaatt tgagcgaggc cttgtcaatt 1920
ttaagggtga aataggaagg accacaacat gaccgtaag tcaagaagg agacatttca 1980
tatccagctt ccttgotttag tctcctttca gtatttggca ataaaagaaa gaagaaatag 2040
aacagctgaa gtctcaaact attgtctgga attttctca ccttggotag ctccacotgc 2100
tctttgtcta aggcccttgc ctcatcaggg attagaactg gcccatatgc cagaacctgt 2160
actaaatgcc taatttgtat ggaagagtgc atatttaact tcttttctat actgctcctt 2220
tctgatgctt atcctttcat ctgtgtgatt gtttttccc ctctactaac aagatcctcc 2280
cagctttctc tctacatgta gaaaggataa catttctcat gaaccactg cccctctgca 2340
ttttcctcac tggtagaga ttaagtaaat aggatagaat atgctgcgtc tcccctgaca 2400
cacactttct ttttgaatg agcaagtctc cattttgatt tcagcaaaaga tttttctcc 2460
ttttctttgt cctcaaccat acttagagga aagaaggaat ggtcttccat gaactgatta 2520
tgcttaatta agcaaagtaa ggaaattagt ttcattggaag cctaaacaaa gctggaatag 2580
aaactacaca ctagacacag cagtagtcat agtcttcaca ggtttaggag ctactggacc 2640
aacattcttg tttttgctt tgttttttta aataattcta gtctggagct aactgtggag 2700
cagccaaata gtagctggca tgttgattca aaccatgggc tgaatttgot cataggotgt 2760
gcatcagaca aaagcttgaa tatttgtgtt gtatgcttgt tccaaccacc gcttgtgtga 2820
gcatttttgt ggttgtaca gaaagtacac ttttaaattg tctcttgcat cactaaaatt 2880
tttttaaaat gagcataaca acgaaaggca tccagctgac tttttgattc caagattatt 2940
gattggattg acttttttgc attaaatttt tccagcaaaa ataaatcata tggcgagtca 3000
gggaataaaa agtcaaaaaga aacaaataga agottttttt tttaaaaaat gtattgcttc 3060

113/175

```

tgaacttttt tctgccactg ctccctagcc ctgtttagtt tgttattgct gcttttcttt 3120
tttctttctg tatctatgcc tttttttcac agtagtcctt ggctctgcac ggaataaatg 3180
ataccctcaa atctaattgg atgtgctttc gcctttgcat gtaagtacgg tagtaagaaa 3240
cctttgagat ctttctgact tttoaaaatt agagaaagca aatgggatgg acagattttt 3300
tttttctttt caaggggggc aggaaggtaa tggtttgagt agcctttggt taaaaaaaaa 3360
actaaatata tttaaaaggc cacatttata tttttttcac aagaaccaca taataaatc 3420
cacttcttga cctgaatttg gaaatccgaa attactaatc caggccaggt gtggtggctc 3480
atgcctgtaa tcccagcact ttgagaggcc gaggtgggca gatcacttga gccctggagt 3540
tcaagaccac cttggcgaac acggtgaaac cccgtctcta caaaaaatac aaaaattagc 3600
caggcgtggt ggcaogtgc tgtagtccca gctacttggg aggctaagtc aggagaattg 3660
cttgaacttg ggagatggag gttgcagtga gccaaagattg caccactgca ttccaacctg 3720
ggtgatgaag tgagactctc c

```

<210> 98

<211> 261

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 98

```

Met Lys Lys Leu Asp Ser Lys Val Asn Ile Ile Pro Ile Ile Ala Lys
  1           5           10           15
Ala Asp Thr Ile Ala Lys Asn Glu Leu His Lys Phe Lys Ser Lys Ile
      20           25           30
Met Ser Glu Leu Val Ser Asn Gly Val Gln Ile Tyr Gln Phe Pro Thr
      35           40           45
Asp Glu Glu Thr Val Ala Glu Ile Asn Ala Thr Met Ser Val His Leu
      50           55           60
Pro Phe Ala Val Val Gly Ser Thr Glu Glu Val Lys Ile Gly Asn Lys
      65           70           75           80
Met Ala Lys Ala Arg Gln Tyr Pro Trp Gly Val Val Gln Val Glu Asn
      85           90           95
-----
Glu Asn His Cys Asp Phe Val Lys Leu Arg Glu Met Leu Ile Arg Val
      100           105           110
Asn Met Glu Asp Leu Arg Glu Gln Thr His Thr Arg His Tyr Glu Leu
      115           120           125
Tyr Arg Arg Cys Lys Leu Glu Glu Met Gly Phe Lys Asp Thr Asp Pro
      130           135           140
Asp Ser Lys Pro Phe Ser Leu Gln Glu Thr Tyr Glu Ala Lys Arg Asn
      145           150           155           160
Glu Phe Leu Gly Glu Leu Gln Lys Lys Glu Glu Glu Met Arg Gln Met
      165           170           175
Phe Val Met Arg Val Lys Glu Lys Glu Ala Glu Leu Lys Glu Ala Glu
      180           185           190
Lys Glu Leu His Glu Lys Phe Asp Leu Leu Lys Arg Thr His Gln Glu
      195           200           205
Glu Lys Lys Lys Val Glu Asp Lys Lys Lys Glu Leu Glu Glu Glu Val
      210           215           220

```

114/175

Asn Asn Phe Gln Lys Lys Lys Ala Ala Ala Gln Leu Leu Gln Ser Gln
 225 230 235 240
 Ala Gln Gln Ser Gly Ala Gln Gln Thr Lys Lys Asp Lys Asp Lys Lys
 245 250 255
 Asn Ala Ser Phe Thr
 260

<210> 99
 <211> 3389
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (78).. (1466)

<400> 99

```

agcgggcggtg cggagcgggc gacagtggcg tgggatctgc ctctctgoga gcagctggga 60
gcggcgggcgg cggcgccatg agcgggggca ccccttacat cggcagcaag atcagcctca 120
totccaaggc ggagatccgc tacgagggca tcctctacac catcgacacc gaaaactcca 180
ccgtagccct tgccaaagt ogatcctttg gtacagaaga cagaccgaca gatcgtccaa 240
taccacctcg agatgaagtc ttigaataca ttatattcgg tgggagtgc attaaagacc 300
ttactgtttg tgagccacca aaaccacagt gttctttgcc tcaagacca gctattgttc 360
agtcctcact aggtcctatg acttcttcat tccagtccat gggttcttat ggacctttcg 420
gcaggatgcc cacatacagt cagttcagtc cgagttcctt agttgggcag cagtttggtg 480
ctgttggtgt tgcgtgaagc tctttgacat cctttggaac agaaacatca aacagtggta 540
ccttaccoca aagtagtgcg gttggttctg cctttacaca ggatacaaga tctotaaaaa 600
cacagttatc tcaaggtcgc tcaagccctc agttagaccc tttgagaaaa agcccaacca 660
tggaacaagc agtcagacc gcctcagccc acttacctgc tccagcagct gttgggagaa 720
ggagtccctg atcaaccagg cctttgccat ctgccagcca aaaggcagga gagaatcagg 780
agcacaggca agctgaagta cacaagttt caaggccaga aaatgagcaa ctcagaaatg 840
ataacaagag acaagtagct ccagggtgct cttcagotcc aaggagaggc cgtgggggtc 900
atcggggtgg caggggaaga ttigtattc ggcgagatgg gccaatgaaa tttgagaaag 960
actttgactt tgaagtgca aatgcacaat tcaacaagga agagattgac agagagtttc 1020
ataataaact taaattaaaa gaagataaac ttgagaaaca ggagaagcct gtaaagtgtg 1080
aagataaagg agactcagga gttgatacco aaaacagtga aggaatgcc gatgaagaag 1140
atccacttgg acctaatgc tattatgaca aaactaaatc cttctttgat aatatttctt 1200
gtgatgacaa tagagaacgg agaccaacct gggctgaaga aagaagatta aatgctgaaa 1260
catttggaat ccacttctg ccaaacctg gccgtggggg atacagaggc agaggaggtc 1320
ttggtttcgg tggtggcaga gggcgtggtg gtggcagagg tggtaacctc actgcccctc 1380
gaggatttcg cgttggtatc agaggaggtc gtgggggccc ggagtttgcg gatittgaa 1440
ataggaaaga caacaaagt gctgcatagt ctacaaacaa gtctctgaaa ataggatga 1500
ttotagctct tcatgttct gaacattgat ttcagtcttt gcaaagaatg aagaagtga 1560
ttcgctgtac attgtcacc agcaactggg tttgttttt tgtttgttt tccgctta 1620
ttcaaagata aaatgcagtt acttttggg gtggaaggct catottaaaa catgagcatt 1680
aaatatattt ggaatagcag aaggttaagt aatttcttat gtatagttaa actaaagcag 1740
tacttcagtg ggaacttaaca agtatttttt catcaotgaa aggttttttt tttttatca 1800
  
```

115/175

```

ctaaattgta tttggcaatt gcaagttgcc tgcagatagg gccgtgatac tgtgttttga 1860
gccacagaag gttgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtatgtg 1920
tgtgtotttt tctctcttct ttttggggaa tctgttaata tgaggtagct tatttcgtca 1980
attaattagg gtgctggatg gtagagaatt ttgtcagtca actatgtaca cacagtaaat 2040
actgttttctt aggcaaaggt aactttttta tatagtgtga aaattccatt atattccatt 2100
gccaaagaaa cattaagaac tttgtatagc tgtataaaaa gcaactaatt ttttaaagaa 2160
taaacatttt aaagtcagca aacatactgt gtccttgcag aagttgatgt gctgagcagc 2220
agccttatgg gtgggtcttt tttctttagt ttccaggct taacattttt gattttgttt 2280
tttaattgtt ggaacataaa tgaagatttg atacattatt tcattatcta aaaaggatta 2340
attattcatg ctcattgtta gaacttcatt ttgtagcaaa tggcatatca caggatctgt 2400
ccagataatc gatattttca gtatacaaat gtaaataatc acagatgaga atgtacttag 2460
ctgtattttc aaataagtaa tcttccccc tttgttagga cttaaaaact aggcatacat 2520
gaacctgttt ttctatttat gcttgaatt tagtcatgat accttgactc attccatcat 2580
atttcaagag gattcagagt gctagaaatt attttgtag cctgtaacac acggcaacac 2640
tggctcctgg gcttatgatg acccacagat gactcagtat agatttcatt gctaattata 2700
aattactagt gaatcttttt gatattttta gctctagtgg gaaaaatctg gccacttttg 2760
tgtttttatg aaggccatgg aataaaaggg tccaaagatt taaatatttt tatctaatat 2820
tttgattggt ttcttaactt tctcttaaaa acattcagta gtgataaaga tatagaaact 2880
gcactgtagg agaattggaa tatttaaggc tggttgacat tttttatttt cattttatat 2940
cttttgtata gctctacaag gcagtgtttt gtaatttggg ttcatatga agatccagta 3000
cttggcagcc atagtttaga caatattgtt cagtgtctgt tgcttgcag ttaacaacaa 3060
aaccttttag aggaccaca aatcatgata ttgaacacag ttccgaggca ttcagagcat 3120
cagagcaagt accatggcaa tacatgtgta gactgttggg gatgtccgg gccaatttca 3180
agaaagaaaa ctgtaaatac tagttctact tgccttgaaa ttatgagttt atgcgttttc 3240
ccagccctcc gaatcaactg ctggggcggt ttgtgcccga gcaataactg gcagcatggc 3300
atacctgcag taccctttac aatattaaag caaagttttt attctaaaac agaataaaac 3360
tgttcaataa aaaatgctcg tcaaagttc 3389

```

<210> 100

<211> 463

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 100

```

Met Ser Gly Gly Thr Pro Tyr Ile Gly Ser Lys Ile Ser Leu Ile Ser
  1           5           10           15
Lys Ala Glu Ile Arg Tyr Glu Gly Ile Leu Tyr Thr Ile Asp Thr Glu
  20           25           30
Asn Ser Thr Val Ala Leu Ala Lys Val Arg Ser Phe Gly Thr Glu Asp
  35           40           45
Arg Pro Thr Asp Arg Pro Ile Pro Pro Arg Asp Glu Val Phe Glu Tyr
  50           55           60
Ile Ile Phe Arg Gly Ser Asp Ile Lys Asp Leu Thr Val Cys Glu Pro
  65           70           75           80
Pro Lys Pro Gln Cys Ser Leu Pro Gln Asp Pro Ala Ile Val Gln Ser
  85           90           95
Ser Leu Gly Ser Ser Thr Ser Ser Phe Gln Ser Met Gly Ser Tyr Gly

```

116/175

Pro	Phe	Gly	Arg	Met	Pro	Thr	Tyr	Ser	Gln	Phe	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu
		115					120					125			
Val	Gly	Gln	Gln	Phe	Gly	Ala	Val	Gly	Val	Ala	Gly	Ser	Ser	Leu	Thr
	130					135					140				
Ser	Phe	Gly	Thr	Glu	Thr	Ser	Asn	Ser	Gly	Thr	Leu	Pro	Gln	Ser	Ser
145				150					155					160	
Ala	Val	Gly	Ser	Ala	Phe	Thr	Gln	Asp	Thr	Arg	Ser	Leu	Lys	Thr	Gln
			165					170						175	
Leu	Ser	Gln	Gly	Arg	Ser	Ser	Pro	Gln	Leu	Asp	Pro	Leu	Arg	Lys	Ser
		180						185				190			
Pro	Thr	Met	Glu	Gln	Ala	Val	Gln	Thr	Ala	Ser	Ala	His	Leu	Pro	Ala
	195					200					205				
Pro	Ala	Ala	Val	Gly	Arg	Arg	Ser	Pro	Val	Ser	Thr	Arg	Pro	Leu	Pro
	210				215					220					
Ser	Ala	Ser	Gln	Lys	Ala	Gly	Glu	Asn	Gln	Glu	His	Arg	Gln	Ala	Glu
225				230					235					240	
Val	His	Lys	Val	Ser	Arg	Pro	Glu	Asn	Glu	Gln	Leu	Arg	Asn	Asp	Asn
			245					250					255		
Lys	Arg	Gln	Val	Ala	Pro	Gly	Ala	Pro	Ser	Ala	Pro	Arg	Arg	Gly	Arg
		260					265					270			
Gly	Gly	His	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Arg	Phe	Gly	Ile	Arg	Arg	Asp	Gly
	275					280					285				
Pro	Met	Lys	Phe	Glu	Lys	Asp	Phe	Asp	Phe	Glu	Ser	Ala	Asn	Ala	Gln
	290				295					300					
Phe	Asn	Lys	Glu	Glu	Ile	Asp	Arg	Glu	Phe	His	Asn	Lys	Leu	Lys	Leu
305				310					315					320	
Lys	Glu	Asp	Lys	Leu	Glu	Lys	Gln	Glu	Lys	Pro	Val	Asn	Gly	Glu	Asp
			325					330					335		
Lys	Gly	Asp	Ser	Gly	Val	Asp	Thr	Gln	Asn	Ser	Glu	Gly	Asn	Ala	Asp
	340						345					350			
Glu	Glu	Asp	Pro	Leu	Gly	Pro	Asn	Cys	Tyr	Tyr	Asp	Lys	Thr	Lys	Ser
	355					360					365				
Phe	Phe	Asp	Asn	Ile	Ser	Cys	Asp	Asp	Asn	Arg	Glu	Arg	Arg	Pro	Thr
	370				375					380					
Trp	Ala	Glu	Glu	Arg	Arg	Leu	Asn	Ala	Glu	Thr	Phe	Gly	Ile	Pro	Leu
385				390					395					400	
Arg	Pro	Asn	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Tyr	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Leu	Gly
			405					410					415		
Phe	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Gly	Thr	Phe	Thr	
	420				425						430				
Ala	Pro	Arg	Gly	Phe	Arg	Gly	Gly	Phe	Arg	Gly	Gly	Arg	Gly	Gly	Arg
	435				440					445					
Glu	Phe	Ala	Asp	Phe	Glu	Tyr	Arg	Lys	Asp	Asn	Lys	Val	Ala	Ala	
450					455					460					

<210> 101

117/175

<211> 2284
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (128).. (1936)

<400> 101

```
tgcaagggtg tacaactatg agcctttgac acagctcaag aatgtcagag caaattacta 60
tggaataac attgctotaa gagggacagt ggttcgtgtc agtaatataa agcctctttg 120
caccaagatg gcttttcttt gtgctgcatg tggagaaatt cagagctttc ctcttccaga 180
tggaataac agtcttccca caaagtgtcc tgtgcctgtg tgtcgaggca ggtcatttac 240
tgctctccgc agctctcttc tcacagttae gatggactgg cagtcaatca aaatccagga 300
attgatgtct gatgacocga gagaagcagg toggattcca ogaacaatag aatgtgagct 360
tgttcatgat cttgtggata gctgtgtccc gggagacaca gtgactatta ctggaattgt 420
caaagtctca aatgcggaag aaggttctcg aaataagaat gacaagtgtg tgttctcttt 480
gtatattgaa gcaaatctta ttagtaatag caaaggacag aaaacaaaga gttctgagga 540
tgggtgtaag catggaatgt tgatggagtt ctacattaaa gacctttatg ccattccaaga 600
gattcaagct gaagaaaacc tgtttaaact cattgtcaac togttttgcc ctgtcatttt 660
tggtocagaa cttgttaaag caggtttggc attagcactc tttggaggaa gccagaaata 720
cgcagatgac aaaaacagaa ttccaattcg gggagacccc cacatccttg ttgttgagga 780
tccaggccta ggaaaaagtc aaatgctaca ggcagcgtgc aatgttgccc cagctggcgt 840
gtatgtttgt ggtaacacca cgaccacctc tggctgtgac gtaactcttt caaagatag 900
ttctcttgga gattttgctt tggaaagtgg tgccctggta cttggtgatc aaggtatttg 960
tggaatcgat gaatttgata agatggggaa tcaacatcaa gcttgttgga aagccattga 1020
gcagcaaaat attagtcttg ctaaggctgg tgtggtttgt agccttctcg caagaacttc 1080
cattattgct gctgcaaatc cagtggagg acattacaat aaagccaaaa cagtttctga 1140
gaatttaaaa atggggagtg cactactatc cagatttgat ttggtcttta tctgtttaga 1200
tactocaaat gagcatcatg atcacttact ctctgaacat gtgattgcaa taagagctgg 1260
aaagcagaga accattagca gtgccacagt agctcgtatg aatagtcaag attcaaatat 1320
ttcgtacttt gaagtagttt ctgagaagcc attatcagaa agactaaagg tggttcctgg 1380
agaaacaata gatcccatc cccaccagct attgagaagg tacattggct atgtctggca 1440
gtatgtgtac ccaaggctat ccacagaagc tgcctgagtt ctccaagatt ttaccttga 1500
gtctcggaag cagagccaga ggttaaatag ctcaccaatc actaccaggc agctggaatc 1560
tttgattcgt ctgacagagg cagagcaag gttggaattg agagaggaag caaccaaga 1620
agacgctgag gatatagtgg aaattatgaa atatagcatg ctaggaaact actctgatga 1680
atttgggaac ctgatttttg agcgaatcca gcatggttct ggaaatgagca acaggtcaac 1740
agcgaagaaga tttatttctg ctctcaacaa cgttgctgaa agaacttata ataatatatt 1800
tcaatttcat caacttcggc agattgccaa agaactaaac attcaggttg ctgattttga 1860
aaattttatt ggatcactaa atgaccaggg ttacctcttg aaaaaaggcc caaaagtta 1920
ccagcttcaa actatgtaaa aggacttcac caagttaggg cctctgggt ttattgcaga 1980
ttaagccat ctcagtgaag atatgcgtgc acgcacagac agacagacac acacacacac 2040
acacacacac acacacacac acacacacac acagtcaaat actgttctct gaaaaatgat 2100
gtcccaaaag tattataata ggaaaaaagc attaaatata ataaactaat ttaagaagt 2160
ataaagtctc cagatgcagt agctcacact gtaatcacag tgactcagga ggctgaggtg 2220
agaggattcc ttgaggocag ggttcgagac caaccttggg caacatagca agacccatt 2280
tctt
```


118/175

<210> 102
 <211> 603
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 102

```

Met Ala Phe Leu Cys Ala Ala Cys Gly Glu Ile Gln Ser Phe Pro Leu
 1           5           10           15
Pro Asp Gly Lys Tyr Ser Leu Pro Thr Lys Cys Pro Val Pro Val Cys
      20           25           30
Arg Gly Arg Ser Phe Thr Ala Leu Arg Ser Ser Pro Leu Thr Val Thr
      35           40           45
Met Asp Trp Gln Ser Ile Lys Ile Gln Glu Leu Met Ser Asp Asp Gln
      50           55           60
Arg Glu Ala Gly Arg Ile Pro Arg Thr Ile Glu Cys Glu Leu Val His
      65           70           75           80
Asp Leu Val Asp Ser Cys Val Pro Gly Asp Thr Val Thr Ile Thr Gly
      85           90           95
Ile Val Lys Val Ser Asn Ala Glu Glu Gly Ser Arg Asn Lys Asn Asp
      100          105          110
Lys Cys Met Phe Leu Leu Tyr Ile Glu Ala Asn Ser Ile Ser Asn Ser
      115          120          125
Lys Gly Gln Lys Thr Lys Ser Ser Glu Asp Gly Cys Lys His Gly Met
      130          135          140
Leu Met Glu Phe Ser Leu Lys Asp Leu Tyr Ala Ile Gln Glu Ile Gln
      145          150          155          160
Ala Glu Glu Asn Leu Phe Lys Leu Ile Val Asn Ser Leu Cys Pro Val
      165          170          175
Ile Phe Gly His Glu Leu Val Lys Ala Gly Leu Ala Leu Ala Leu Phe
      180          185          190
Gly Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Asp Asp Lys Asn Arg Ile Pro Ile Arg
      195          200          205
Gly Asp Pro His Ile Leu Val Val Gly Asp Pro Gly Leu Gly Lys Ser
      210          215          220
Gln Met Leu Gln Ala Ala Cys Asn Val Ala Pro Arg Gly Val Tyr Val
      225          230          235          240
Cys Gly Asn Thr Thr Thr Ser Gly Leu Thr Val Thr Leu Ser Lys
      245          250          255
Asp Ser Ser Ser Gly Asp Phe Ala Leu Glu Ala Gly Ala Leu Val Leu
      260          265          270
Gly Asp Gln Gly Ile Cys Gly Ile Asp Glu Phe Asp Lys Met Gly Asn
      275          280          285
Gln His Gln Ala Leu Leu Glu Ala Met Glu Gln Gln Ser Ile Ser Leu
      290          295          300
Ala Lys Ala Gly Val Val Cys Ser Leu Pr Ala Arg Thr Ser Ile Ile
      305          310          315          320

```

119/175

Ala Ala Ala Asn Pro Val Gly Gly His Tyr Asn Lys Ala Lys Thr Val
 325 330 335
 Ser Glu Asn Leu Lys Met Gly Ser Ala Leu Leu Ser Arg Phe Asp Leu
 340 345 350
 Val Phe Ile Leu Leu Asp Thr Pro Asn Glu His His Asp His Leu Leu
 355 360 365
 Ser Glu His Val Ile Ala Ile Arg Ala Gly Lys Gln Arg Thr Ile Ser
 370 375 380
 Ser Ala Thr Val Ala Arg Met Asn Ser Gln Asp Ser Asn Thr Ser Val
 385 390 395 400
 Leu Glu Val Val Ser Glu Lys Pro Leu Ser Glu Arg Leu Lys Val Val
 405 410 415
 Pro Gly Glu Thr Ile Asp Pro Ile Pro His Gln Leu Leu Arg Lys Tyr
 420 425 430
 Ile Gly Tyr Ala Arg Gln Tyr Val Tyr Pro Arg Leu Ser Thr Glu Ala
 435 440 445
 Ala Arg Val Leu Gln Asp Phe Tyr Leu Glu Leu Arg Lys Gln Ser Gln
 450 455 460
 Arg Leu Asn Ser Ser Pro Ile Thr Thr Arg Gln Leu Glu Ser Leu Ile
 465 470 475 480
 Arg Leu Thr Glu Ala Arg Ala Arg Leu Glu Leu Arg Glu Glu Ala Thr
 485 490 495
 Lys Glu Asp Ala Glu Asp Ile Val Glu Ile Met Lys Tyr Ser Met Leu
 500 505 510
 Gly Thr Tyr Ser Asp Glu Phe Gly Asn Leu Asp Phe Glu Arg Ser Gln
 515 520 525
 His Gly Ser Gly Met Ser Asn Arg Ser Thr Ala Lys Arg Phe Ile Ser
 530 535 540
 Ala Leu Asn Asn Val Ala Glu Arg Thr Tyr Asn Asn Ile Phe Gln Phe
 545 550 555 560
 His Gln Leu Arg Gln Ile Ala Lys Glu Leu Asn Ile Gln Val Ala Asp
 565 570 575
 Phe Glu Asn Phe Ile Gly Ser Leu Asn Asp Gln Gly Tyr Leu Leu Lys
 580 585 590
 Lys Gly Pro Lys Val Tyr Gln Leu Gln Thr Met
 595 600

<210> 103

<211> 3408

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (725).. (1513)

<400> 103

120/175

gattcacgta gaccttgtca ggaaattggt cactatccat ctagggcccta gaagtgaagag 60
 gaggaatctt acgaactcat tttctagttg ctttgtattc aaatcttagt tgtaattat 120
 cttgttctag taatcaccta aaatattaga cacttaaaat gttggggaaa cgtaaagcgtg 180
 tgggtttgac aattaataga ctggcccccct gaatotccag acaaccaata tcaacttaaat 240
 aagtgatagt ottaatacta gtttttagac tagtcattgg agaacagatg attgatgtct 300
 tagggccgga gaaacgcaga cggcgtacca cacaggaaaa gatcgcaatt gttcagcaga 360
 gotttgaacc ggggatgaag gtctccctcg ttgcccggca acatgggtgta gcagccagcc 420
 agttatttct ctggcgtaag caataccagg aaggaaagtct tactgctgtc gccgcggag 480
 aacaggttgt tcctgcctct gaacttgctg ccgcctatgaa gcagattaaa gaactccagc 540
 gcctgctcgg caagaaaaag atggaaaatg aactcctcaa agaagccgtt gaatatggac 600
 gggcaaaaaa gtggatagcg cagcgcacct tattgcccgg ggatggggag taagcttagt 660
 cagccgttgt ctccgggtgt cgcgtgcgca gttgcaogtc attotoagac gaacogatga 720
 ctggatggat ggccgccgca gtctgcacac tgatgatacg gatgtgcttc tccgtataca 780
 ccatgttato ggagagctgc caacgtatgg ttatcgctcg gtatgggcgc tgccttcgag 840
 acaggcagaa cttgatggta tgcctgcgat caatgcaaaa cgtgtttacc ggatcatgcg 900
 ccagaatgcg ctgttgcttg agcgaanaac tgctgtaccg ccacgaaaac gggcacatac 960
 aggcagagtg gccgtgaaag aaagcaatca gcgatgggtc tctgacgggt tcgagttctg 1020
 ctgtgataac ggagagagac tgcgtgtcac gttogcgctg gactgctgtg atcgtgaggo 1080
 actgcactgg gcggtcacta ccggcggtt caacagtga acagtacagg acgtcatgct 1140
 gggagcggtg gaacgccgt tcggcaacga tcttccgtcg tctccagtgg agtggctgac 1200
 ggataatggt tcatgtacc gggotaatga aacacgocag ttgcgccgga tgttgggact 1260
 tgaaccgaag aacacggcgg tgccggagtcc ggagagtaac ggaatagcag agagcttctg 1320
 gaaaacgata aagcgtgact acatcagtat catgcccana ccagacgggt taacggcagc 1380
 aaagaacctt gcagagggt tcgagcatta taacgaatgg catccgcata gtgcgtggg 1440
 ttatcgctcg ccacgggaat atctgoggca gcgggttgt aatgggttaa gtgataacag 1500
 atgtctggaa atataggggc aaatccaatt aaggacaagc ttgacattat taagaaactt 1560
 gaggaaggca tctctttcaa aaaactttcc gtggtgtacg gaattggtga atccacagt 1620
 cgtgatatta aaaagaacaa agaaaggatt ataaactatg caaacagttc agatcctacc 1680
 agtggagtat ccaaocgtaa atotatgaag tcatcaacat acgaggagct tgatagagtt 1740
 atgatagagt ggtttaacca acagaaaaca gatgggattc cagtgtccgg aacgatttgt 1800
 gcaatacaag ccaagtott tttgatgct ttgggaatgg aagggtgatt taatgcacg 1860
 tcaggctggc taactcgatt taagcagcgc catgggtattc caaaggctgc tggtaaagga 1920
 acaaaattaa aaggagatga aactgctgcc agagaatttt gtggtagctt tcaggaattt 1980
 gttgaaaaag agaacttaca accagagcaa atttatggtg ctgatcaaac tggattgttt 2040
 tggaaatgct taccatcaag gacattaact cttgaaactg accaaagtac ttctgggtgt 2100
 aggtcaagca gagagagaat catoattatg tgttgcgoaa atgccacagg ttacacaaa 2160
 cttaatcttt gtgttggtgg gaaggccaaa aagccccggg cattcaaagg caotgacct 2220
 tcaaacottc ctgtgacata ttacagtcaa aaagggtgcat ggatagaaca gtctgttttc 2280
 agacagtggg ttgagaagta ctttgtgcca caggtagaca agcatttgaa atccaaggga 2340
 cttttagaaa aagcagtgtc tottttagat ttccccccag caogtccaaa tgaagaaatg 2400
 ttgagttcag atgatggcag aataattgtg aagtatttgc caccaaatgt cacaagtcg 2460
 attcaacaaa tgagccaggg agttotagcc actgtaaaaa gatactatcg agcaggactt 2520
 ctccagaaat acatggatga aggaatgac ccaaaaatat tttggaagaa cttgacagt 2580
 ttggatgcaa ttatgaagt gtcaagagct tggaaacatg taaaatcaag taccataacc 2640
 aaagcatgga aaaaactttt ccctggcaat gaagagaatt caggtatgaa cattgatgaa 2700
 ggagccattt tagcagctaa tttagcaaca gttttacaga acacagaaga atgtgaacat 2760
 gttgacattg agaattatga tcagtgttgc gactctcgga gcagtgactc aagctgtcag 2820
 gtgctgactg acagtgaag tgctgaggac cagaccaagg ctgctgagca aaagccttcc 2880

121/175

```

agtaagagta gaaaaacaga actgaatcca gagaagcata ttagccataa agcggcactt 2940
gaatggactg aaaatttact ggattatctt gaacaacaag atgacatgct tctgtctgat 3000
aaattggtat taaggaggct toggaccata ataagaaaaa aacagaagat ccaaaataac 3060
aaaaatcatt aataaggctc ttaagtattt cagtgtatct gcattcttgt gactatctgc 3120
agtgaactt tgcttgttg aagtcctgtg gattccaaag ccaaatatcat ttataaatg 3180
attttggaaat tagatgtcag ttggattac ttaaattaca acttittaat gttgactcta 3240
gtcattgggc attgacgtgt aacttgtctt tctactgttt ctaatatcta ttaattagat 3300
cataaggtag ctgaggccag ggatcttgtg tctgttgtgc ctgaatttgg cgtgtctaata 3360
aaaggcccat gcacactata ggcactcaat aaaacttaca tttttatg 3408

```

<210> 104

<211> 263

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 104

```

Met Asp Gly Arg Arg Ser Arg His Thr Asp Asp Thr Asp Val Leu Leu
 1          5          10          15
Arg Ile His His Val Ile Gly Glu Leu Pro Thr Tyr Gly Tyr Arg Arg
 20          25          30
Val Trp Ala Leu Leu Arg Arg Gln Ala Glu Leu Asp Gly Met Pro Ala
 35          40          45
Ile Asn Ala Lys Arg Val Tyr Arg Ile Met Arg Gln Asn Ala Leu Leu
 50          55          60
Leu Glu Arg Lys Pro Ala Val Pro Pro Ser Lys Arg Ala His Thr Gly
 65          70          75          80
Arg Val Ala Val Lys Glu Ser Asn Gln Arg Trp Cys Ser Asp Gly Phe
 85          90          95
Glu Phe Cys Cys Asp Asn Gly Glu Arg Leu Arg Val Thr Phe Ala Leu
100          105          110
Asp Cys Cys Asp Arg Glu Ala Leu His Trp Ala Val Thr Thr Gly Gly
115          120          125
Phe Asn Ser Glu Thr Val Gln Asp Val Met Leu Gly Ala Val Glu Arg
130          135          140
Arg Phe Gly Asn Asp Leu Pro Ser Ser Pro Val Glu Trp Leu Thr Asp
145          150          155          160
Asn Gly Ser Cys Tyr Arg Ala Asn Glu Thr Arg Gln Phe Ala Arg Met
165          170          175
Leu Gly Leu Glu Pro Lys Asn Thr Ala Val Arg Ser Pro Glu Ser Asn
180          185          190
Gly Ile Ala Glu Ser Phe Val Lys Thr Ile Lys Arg Asp Tyr Ile Ser
195          200          205
Ile Met Pro Lys Pro Asp Gly Leu Thr Ala Ala Lys Asn Leu Ala Glu
210          215          220
Ala Phe Glu His Tyr Asn Glu Trp His Pro His Ser Ala Leu Gly Tyr
225          230          235          240
Arg Ser Pro Arg Glu Tyr Leu Arg Gln Arg Ala Cys Asn Gly Leu Ser

```

122/175

245
Asp Asn Arg Cys Leu Glu Ile
260

250

255

<210> 105
<211> 3338
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (201).. (1904)

<400> 105
gcaggggcca gaccoggacg gctccagagc ctccagagcc tccgggtctg ggcgggcgctt 60
oggctcctcc cgagccgcct gctagccccc cgccgcactc catccccaca ggctggggac 120
gggcccgggtg cggctgtgtg ggttcgggag cggagttgca gaatccaagg acccattttg 180
ttctttctcc gcaactgctt atgggaggca ttatggcccc caaagacata atgacaaata 240
ctcatgctaa atccatcctc aattcaatga actccctcag gaagagcaat accctctgtg 300
atgtgacatt gagagtagag cagaaagact tccctgcccc tggattgtg ctggctgcct 360
gtagtgatta cttctgtgcc atgttacta gtgagctctc agagaagggg aaaccttatg 420
ttgacatcca aggtttgact gcctctacca tggaaatttt attggacttt gtgtacacag 480
aaacggtaca tgtgacagtg gagaatgtac aagaactgct tccctgcagcc tgtctgcttc 540
agttgaaagg tgtgaaacaa gcctgctgtg agttcttaga aagtcagttg gaccttctta 600
attgcctggg tattagggat ttgtctgaaa cccacaattg tgttgacctg atgcaagcag 660
ctgaggtttt tagccagaag cattttcctg aagtggtaca gcattgaagag ttcatctctc 720
tgagtcaagg agaggtggaa aagctaataca agtgogacga aattcaggtg gattctgaag 780
agccagtcct tgaggctgtc atcaactggg tgaagcatgc caagaaagag cgggaagaat 840
ccttgccctaa cctgctacag tatgtgcgga tgccttact aacccccagg tatatcacag 900
atgtaataga tgtgagcct ttcattccgt gtagtttaca atgcagggat ctggttgatg 960
aagcaaagaa gtttcatctg aggcctgaac ttoggagtca gatgcaggga cccaggacaa 1020
gggctcgcct aggagccaat gaagtgcctt tgggtgttgg gggctttgga agccagcagt 1080
ctcccattga tgtggttagag aaatatgacc ccaagactca ggagtggagc tttttgcaa 1140
gcatactctg taagagacgt tatgtggcct cagtgtccct tcatgaccgg atctacgtca 1200
ttggtggcta tgatggcgt tccgcctta gttcagtga atgtctagac tacacagcag 1260
atgaggatgg ggtctggtat tctgtggccc ctatgaatgt ccgacgaggt cttgtctggag 1320
ccaccacccct gggagatatg atctatgtct ctggaggctt tgatggaagc aggcgtcaca 1380
ccagtatgga gcgctatgat ccaaacattg accagtggag catgctgggg gatatgcaga 1440
cagcccggga aggtgccgga ctgtagtggt ccagtggagt gatctactgt ctaggaggat 1500
atgacggctt gaatatctta aattcagttg agaaatacga cctcataca ggacattgga 1560
ctaattgttac accaatggcc accaagcgtt ctggtgcagg agtagccctg ctgaatgacc 1620
atatttatgt ggtgggggga tttgatggtc cagcccacct ttcttccgtt gaagcataca 1680
acattcgcac tgattcctgg acaactgtca ccagtatgac cactccacga tgctatgtag 1740
gggccacagt gcttcggggg agactctatg caattgcagg atatgatggt aattccctgc 1800
taagtagcat tgaatgttat gacctatca togacagctg ggaagtctg acatccatgg 1860
gaaccacagc ctgtgatgct ggtgtttgtg ttctccgcga gaagtgaaca ttgttgagc 1920
accatccaga gctagtgaac agtcagtggt acagttagtg ggagtatcaa aaatccttct 1980

123/175

```

cagaatgtot gtttctcact atgtgcaccg ggtgattaca ggcaccagt cagtgatgat 2040
tgtacttatt tgacacatac tccccgtcgt cctggttott gttcctgaga aggggtgggta 2100
acagatattc caggaaaag aatgcacatt gaatggatgt gagagaccac attgcctctc 2160
ccactgcttt ggggagcact ttctgtcat ttctaactta ccacatgctt ggtgtactat 2220
atgtacgttg tgcctcatat gttgcaaaga actaaggatga gtatagccta ctatgatagg 2280
gcaatatoca gcctagatga ttggaaagat accagttaa gtaaaacttg taaaatcaca 2340
gtcttttttt tttttccag gaacaactac attttctcat atacaggtag ctaggggcaa 2400
cacagttoca ttctagaggg aaacaaaagg gagagcccca caaaacttg gggacaaggg 2460
agagagagac tcacttgaca cttcttttgg aggtcaggat ttgtatatca gaattgaagt 2520
tagaattaag tgaattaaac tgaattgat tgtagtgaa cctagaacag cactgaagta 2580
ttacataacc tggaagactg agaagggtat attattgaa ggatctttt atttccccga 2640
ggtcttttgc actggagaca gcataaaaga gtgaacaaat gttgggatga gagaagatga 2700
catcaatgtg ggagttcagt ataactggg ataaactaga agaacctgtg attttacagt 2760
catcttatta cctgccaggg ctcatctagc catggcaatg tttgccttga atgggggtga 2820
aagcctttct ttgttggatc aaatactact acactattac acttccacac tatttatttg 2880
gggatgggct gggagtgaac gtagcctagt agttcagata cctgattact gccccattct 2940
tttagaagca catgtctgcc aaggagtggg ttgtactgct gtgtttggt catctagtct 3000
ttttctgtct ataagttttc ctacactgtc ctttagtgta gattttattc atcacaggac 3060
agaataatca aggacaacca aaatcctttt gttagtcca gtacctcagc tatcaacatt 3120
cttgagctac cattcaatgt tctctgtgt catggagtga aattottgtt ttgtgggtat 3180
taggagtgtg ggaatgtgat aacctaaaca accttgcctc tgaaattoca tttttccctc 3240
tttccctgag ttgtattgac ctacagagtt aatttcttt gtattttttt aagaaaatat 3300
taaaaatcaa cggctotcaa tgccgagagt ttgtggct 3338

```

<210> 106

<211> 568

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 106

```

Met Gly Gly Ile Met Ala Pro Lys Asp Ile Met Thr Asn Thr His Ala
1      5      10      15
Lys Ser Ile Leu Asn Ser Met Asn Ser Leu Arg Lys Ser Asn Thr Leu
20      25      30
Cys Asp Val Thr Leu Arg Val Glu Gln Lys Asp Phe Pro Ala His Arg
35      40      45
Ile Val Leu Ala Ala Cys Ser Asp Tyr Phe Cys Ala Met Phe Thr Ser
50      55      60
Glu Leu Ser Glu Lys Gly Lys Pro Tyr Val Asp Ile Gln Gly Leu Thr
65      70      75      80
Ala Ser Thr Met Glu Ile Leu Leu Asp Phe Val Tyr Thr Glu Thr Val
85      90      95
His Val Thr Val Glu Asn Val Gln Glu Leu Leu Pro Ala Ala Cys Leu
100     105     110
Leu Gln Leu Lys Gly Val Lys Gln Ala Cys Cys Glu Phe Leu Glu Ser
115     120     125
Gln Leu Asp Pro Ser Asn Cys Leu Gly Ile Arg Asp Phe Ala Glu Thr

```

124/175

130	135	140
His Asn Cys Val Asp Leu Met Gln Ala Ala Glu Val Phe Ser Gln Lys		
145	150	155
His Phe Pro Glu Val Val Gln His Glu Glu Phe Ile Leu Leu Ser Gln		160
	165	170
Gly Glu Val Glu Lys Leu Ile Lys Cys Asp Glu Ile Gln Val Asp Ser		175
	180	185
Glu Glu Pro Val Phe Glu Ala Val Ile Asn Trp Val Lys His Ala Lys		190
	195	200
Lys Glu Arg Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Leu Gln Tyr Val Arg Met		205
	210	215
Pro Leu Leu Thr Pro Arg Tyr Ile Thr Asp Val Ile Asp Ala Glu Pro		220
225	230	235
Phe Ile Arg Cys Ser Leu Gln Cys Arg Asp Leu Val Asp Glu Ala Lys		240
	245	250
Lys Phe His Leu Arg Pro Glu Leu Arg Ser Gln Met Gln Gly Pro Arg		255
	260	265
Thr Arg Ala Arg Leu Gly Ala Asn Glu Val Leu Leu Val Val Gly Gly		270
	275	280
Phe Gly Ser Gln Gln Ser Pro Ile Asp Val Val Glu Lys Tyr Asp Pro		285
	290	295
Lys Thr Gln Glu Trp Ser Phe Leu Pro Ser Ile Thr Arg Lys Arg Arg		300
305	310	315
Tyr Val Ala Ser Val Ser Leu His Asp Arg Ile Tyr Val Ile Gly Gly		320
	325	330
Tyr Asp Gly Arg Ser Arg Leu Ser Ser Val Glu Cys Leu Asp Tyr Thr		335
	340	345
Ala Asp Glu Asp Gly Val Trp Tyr Ser Val Ala Pro Met Asn Val Arg		350
	355	360
Arg Gly Leu Ala Gly Ala Thr Thr Leu Gly Asp Met Ile Tyr Val Ser		365
	370	375
Gly Gly Phe Asp Gly Ser Arg Arg His Thr Ser Met Glu Arg Tyr Asp		380
385	390	395
Pro Asn Ile Asp Gln Trp Ser Met Leu Gly Asp Met Gln Thr Ala Arg		400
	405	410
Glu Gly Ala Gly Leu Val Val Ala Ser Gly Val Ile Tyr Cys Leu Gly		415
	420	425
Gly Tyr Asp Gly Leu Asn Ile Leu Asn Ser Val Glu Lys Tyr Asp Pro		430
	435	440
His Thr Gly His Trp Thr Asn Val Thr Pro Met Ala Thr Lys Arg Ser		445
	450	455
Gly Ala Gly Val Ala Leu Asn Asp His Ile Tyr Val Val Gly Gly		460
465	470	475
Phe Asp Gly Thr Ala His Leu Ser Ser Val Glu Ala Tyr Asn Ile Arg		480
	485	490
Thr Asp Ser Trp Thr Thr Val Thr Ser Met Thr Thr Pro Arg Cys Tyr		495
	500	505
Val Gly Ala Thr Val Leu Arg Gly Arg Leu Tyr Ala Ile Ala Gly Tyr		510

125/175

515 520 525
 Asp Gly Asn Ser Leu Leu Ser Ser Ile Glu Cys Tyr Asp Pro Ile Ile
 530 535 540
 Asp Ser Trp Glu Val Val Thr Ser Met Gly Thr Gln Arg Cys Asp Ala
 545 550 555 560
 Gly Val Cys Val Leu Arg Glu Lys
 565

<210> 107
 <211> 2925
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (72).. (1160)

<400> 107
 gacggcgggt gccgcgcct cagagttact gatttattct tgagattcct ctactctcgt 60
 tatctgacct catggatgaa cttcaggatg ttcagctcac agagatcaaa ccacttctaa 120
 atgataagga acatgatata gaaacaactc atggtgtggt ccacgtcact ataagaggct 180
 taccctaaagg aaacagacca gttataactaa catatcatga cattggcctc aaccataaat 240
 cctgttccaa tgcattcttt aactttgagg atatgcaaga gatcaccag cactttgctg 300
 totgtcatgt ggatgcccc ggccagcagg aaggtgoacc ctctttccca acagggtatc 360
 agtaccctac aatggatgag ctggctgaaa tgctgcctcc tgttcttacc cacctaagcc 420
 tgaaaagcat cattggaatt ggagttggag ctggagctta catctcagc agatttgcac 480
 tcaaccatcc agagcttgtg gaaggccttg tgctcattaa tgttgaccct tgcgctaaag 540
 gctggattga ctgggcagct tccaaactct ctggcctgac aaccaatgtt gtggacatta 600
 ttttggctca tcactttggg caggaagagt tacaggccaa cctggacctg atccaaacct 660
 acagaatgca tattgcccc gacatcaacc aagacaacct gcagctcttc ttgaattcct 720
 acaatggaag cagagacctg gagatcgaaa gaccataact gggccaaaat gataacaaat 780
 caaaaacatt aaagtgttct actttactgg tggtagggga caattcgcct gcagttgagg 840
 ctgttgctga atgcaattcc cgcctgaacc ctataaatac aactttgcta aagatggcgg 900
 actgtggggg actgccccag gtagttcagc ctgggaagct caccgaggcc ttcaagtact 960
 ttttgcaggg aatgggctac ataccatctg ccagcatgac tcggctcgcc cgatcacgaa 1020
 cccactcaac ctcgagtagc ctcggtctg gagaaagtcc ctccagccgg tctgtcacca 1080
 goaatcagtc agatggaact caagaatcct gtgagtcctc tgatgtcctg gacagacacc 1140
 agaccatgga ggtgtcctgc taagcagatg ctctctccct ggaccattgc aagtccattc 1200
 ttcaaatgac cactccataa tataacattt catccagtaa actggcctct actatcttta 1260
 actcatgcat ggccactgaa cctctctcta gtagcctgga tttatcattc tctctgctg 1320
 cccacccctt tttttgtata gcccaagaac caattccatg ccatactgta acattccaac 1380
 atcttttagct gatcagatct ctccatatcc tctcttgcca gotttttccc gtgtccccc 1440
 aactatgtat cagataagat tctttgatcc cgactctgtg tgtgcgagca cgcgtgtctg 1500
 tgtttgtgtg tgcatagttc tgtggtttta gacacgcttt ctgttagtgc ttctgcaaaa 1560
 aacaaaaaag ggacttattt tgcattctca atggtgtttt taagggaatt aggcagaaca 1620
 gatttctagg ttgggttagg cactgcattc tottttgttt gcaaatttgt caacaaaatt 1680
 tgcaaatgta tttcaggaga gacagcttt gaggaatgtg gaaaatcata attgccgtct 1740

126/175

```

ggaccattga ttgattgtga ccagtagcag aagggtgcct gttacataga gaggctcctt 1800
ctgtccaaat gaatttctgt atactcttct ataaataaaa gggaggaata tattctgctg 1860
gaagcccatg aaccatcgct gaggttctga tacaacatag agttttttcc aaggagtga 1920
tgttggttaa ttactggact ctcttagcac aggaagggtg aaacaaaatg ccaggcctct 1980
gctctgaaga gaaaaactgc tgcgctgca gtatctgata ccagacatcc acatatccac 2040
aagaagtgcc tcttaggtct gtgacagaga gtgtgtctcc attcctcagt tcccagaaag 2100
gggagagggt tggcctaata agcatgtaga tggggagaga atgggtggg ggagaggaa 2160
agccattaac acagtatcat gttaacaag tatagccttg atttcagtag atgtaatgga 2220
agccaaatta aattgataca gaaccattt ctcagagtct tttttttt ttgagacaga 2280
gtctcgctgt taccaggct ggagtgaat ggcgaaact tggctcactg caacctctgc 2340
ccctgggtt caagogattc tctgcctca gctcccgag tagctgagac tacaggcacc 2400
tgccaccata ccagctaag ttatgtatt tttagtgga tggagtttca ccattgttgc 2460
caggctggtc tcaactcct gacctcaggt gatccacctg cctcagcctc ccaaagtgt 2520
gggattacag gcatgagtca ttgtcccag ccattagaaa gattgttaat cctatgaact 2580
cccttttga ggagagaaag ggccaatctg taggggtagc cctgtccagg taaagtgtt 2640
ttcagcctca tgtctactgt taggtgaggg agtcacagcc agacagagag tattgtgga 2700
gggtgagaga attgtggaga ccaactacca catagcaaga gccagctct tgggagcatt 2760
gagatgtaag ctcagggtta cacagttcca aatcttgga aggggcttt cagacagact 2820
gtttgcttgc tgcagagata aggaatgcat cactctgcca gtagtagact tttacggat 2880
tattaaataa agctgcatat gtctcattgt taaaaaaaaa aaaag 2925

```

<210> 108

<211> 363

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 108

```

Met Asp Glu Leu Gln Asp Val Gln Leu Thr Glu Ile Lys Pro Leu Leu
 1             5             10             15
Asn Asp Lys Glu His Asp Ile Glu Thr Thr His Gly Val Val His Val
      20             25             30
Thr Ile Arg Gly Leu Pro Lys Gly Asn Arg Pro Val Ile Leu Thr Tyr
      35             40             45
His Asp Ile Gly Leu Asn His Lys Ser Cys Ser Asn Ala Phe Phe Asn
      50             55             60
Phe Glu Asp Met Gln Glu Ile Thr Gln His Phe Ala Val Cys His Val
      65             70             75             80
Asp Ala Pro Gly Gln Gln Glu Gly Ala Pro Ser Phe Pro Thr Gly Tyr
      85             90             95
Gln Tyr Pro Thr Met Asp Glu Leu Ala Glu Met Leu Pro Pro Val Leu
      100            105            110
Thr His Leu Ser Leu Lys Ser Ile Ile Gly Ile Gly Val Gly Ala Gly
      115            120            125
Ala Tyr Ile Leu Ser Arg Phe Ala Leu Asn His Pro Glu Leu Val Glu
      130            135            140
Gly Leu Val Leu Ile Asn Val Asp Pro Cys Ala Lys Gly Trp Ile Asp
      145            150            155            160

```

127/175

Trp Ala Ala Ser Lys Leu Ser Gly Leu Thr Thr Asn Val Val Asp Ile
 165 170 175
 Ile Leu Ala His Phe Gly Gln Glu Leu Gln Ala Asn Leu Asp
 180 185 190
 Leu Ile Gln Thr Tyr Arg Met His Ile Ala Gln Asp Ile Asn Gln Asp
 195 200 205
 Asn Leu Gln Leu Phe Leu Asn Ser Tyr Asn Gly Arg Arg Asp Leu Glu
 210 215 220
 Ile Glu Arg Pro Ile Leu Gly Gln Asn Asp Asn Lys Ser Lys Thr Leu
 225 230 235 240
 Lys Cys Ser Thr Leu Val Val Gly Asp Asn Ser Pro Ala Val Glu
 245 250 255
 Ala Val Val Glu Cys Asn Ser Arg Leu Asn Pro Ile Asn Thr Thr Leu
 260 265 270
 Leu Lys Met Ala Asp Cys Gly Gly Leu Pro Gln Val Val Gln Pro Gly
 275 280 285
 Lys Leu Thr Glu Ala Phe Lys Tyr Phe Leu Gln Gly Met Gly Tyr Ile
 290 295 300
 Pro Ser Ala Ser Met Thr Arg Leu Ala Arg Ser Arg Thr His Ser Thr
 305 310 315 320
 Ser Ser Ser Leu Gly Ser Gly Glu Ser Pro Phe Ser Arg Ser Val Thr
 325 330 335
 Ser Asn Gln Ser Asp Gly Thr Gln Glu Ser Cys Glu Ser Pro Asp Val
 340 345 350
 Leu Asp Arg His Gln Thr Met Glu Val Ser Cys
 355 360

<210> 109

<211> 2677

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (240).. (1001)

<400> 109

gtttttaoct aagcaagcct gggcaatggc gggcgctccct cccccagcct cggtgccgcc 60
 ttgcagtttg atctcagact gctgtgctag caatcagoga gattccgtgg gcgtaggacc 120
 ctctgagcca ggaactgaag ttaaaagatg aagaatgtga gaggctttca aaagtgcgag 180
 atcaacttgg acaggaattg gaagaactca cagctagtct atttgaggaa gctcataaaa 240
 tggtagagaga agcaaatatc aagcaggcaa cagcagaaaa acagotaaaa gaagcacaag 300
 gaaaaattga tgtacttcaa gctgaagtag ctgcattgaa gacacttgta ttgtccagtt 360
 ctccaacatc acctacgcag gagcctttgc caggtggaaa gacacctttt aaaaaggggc 420
 atacaagaaa caaaagcaca agcagtgcata tgagtggcag tcatcaggac ctcaagtgtga 480
 tacagccaat tgtaaaagac tgcaaagagg ctgacttata cttgtataat gaattccgat 540
 tgtggaagga tgagcccaca atggacagga cgtgtccttt cttagacaaa atctaccagg 600

128/175

```

aagatatctt tccatgttta acattctcaa aaagtgagtt ggcttcagct gttctggagg 660
ctgtggaaaa caatactcta agcattgaac cagtgggatt acaacctatc cggtttgtga 720
aagcttotgc agttgaatgc ggaggaccaa aaaaatgtgc tctcactggc cagagtaagt 780
cctgtaaaaa cagaattaaa ttaggggact caagcaacta ttattatatt tctccttttt 840
gcagatacag gatcacttct gtatgtaact tttttacata cattcgatac attcagcagg 900
gactcgtgaa acagcaggat gttgatcaga tgttttggga ggttatgcag ttgagaaaaag 960
agatgtcatt ggcaaagctg ggttatttca aagagggaact ctgatgctct gcgtgggacc 1020
atgcctgaac tcccogaata actgaaaaat ggctgaatat ttttatggtt acttgatatt 1080
tatttccaag gagtggacct aagacttttt tccccttttg caaattgctc taagaagtac 1140
catgatttct tttaaactga tctatgctgt gtttgcttat tcttagttg aacacactat 1200
gaagaattcc aggtgtacta gtgaatgtaa tttatagttg ccaaaaaaaa aaaacaaacc 1260
tgaaataaat aaatgttiaga ttgaatgtgt gtacattttc tcttctagct ctgacatggc 1320
atthaggggt agcagaatgt attaaatagt aattttcaaa ctacacagta gcttcttcc 1380
ttgtgagagg caagaaagaa gtctgagtggt atagtactca ctttccaagg ccccccacct 1440
tagaatggct ttatttttat ctgttttota tattgggttt caaaaaagat tttatttgaa 1500
gaaatacttc tgctgtaca aagtttgaaa gttactattt taattattct gctctctgta 1560
actgaaagaa tccctttatt ttggttattc attaaaatat aatagaaggc agtcagattt 1620
tatcccagag atgtattcct gagtgtcttg atatagtgtt ttcattgttt atatgtgttg 1680
accactatat tgcatigga gggacataga tgtaaatgag ttgacgtgt gtcaaagggg 1740
tttaaggggg tgtggattga atgaatggta cgtgcgaagt atatgotgat tatagaacca 1800
cttgatctct gcattccaat ttgtaaaact gactcaactg gagaaattat aacaaagagg 1860
tttgtggtag aaatgtaata agtatagaaa agcaaaaaga aaagagaaac tgctttagtt 1920
tctgtttaga gaaagctgct gttaatattt ttggatagta gcccttcagc tttcagatat 1980
tttctactta catatgcata tttttgaaac aaaaagtagg cttttttttt gcttttttaa 2040
cctaacatt aaatatattt tcccttgggt aaacctacac atcctaattc ctgtttatag 2100
aattttaaca taatttaatt gtgtttggag atgaggtggt ttccagttta tttttcatat 2160
tataatgctg tgacgagtat ccttatctgt acacttctga acattgtgga gttctttcat 2220
gtggatgctt ggagataaaa ttgtgtcgag atatatatgt atttttaaat gtttgatctg 2280
cattgtctaga ttgcatcca gaaaagttaa tcaatttgta ttcacagcag cagtgtacaa 2340
gagggtcgtt tttctgaaga taacattttt ttcagtctgt ttcagagggt tggccaatct 2400
tacctgtaga tgacttcagc caccaggctg gatgggagcc cacagacaaa aggacattgg 2460
tgtatgttat ggtgaaaacc atcagtacca tgcctagctc aagaatgtga aattgaacct 2520
gaaaaaaact ttgaacctac aattttatgt tctgaaaata gtattctaa tgtgagggca 2580
ttaataagaa tatgtaccat caaagcatca gaagattttc catacaaact aaaatcactt 2640
ttggagaaag tacctaaata aaaagagaaa caaatcc 2677

```

<210> 110

<211> 254

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 110

Met Val Arg Glu Ala Asn Ile Lys Gln Ala Thr Ala Glu Lys Gln Leu

1 5 10 15

Lys Glu Ala Gln Gly Lys Ile Asp Val Leu Gln Ala Glu Val Ala Ala

20 25 30

Leu Lys Thr Leu Val Leu Ser Ser Pro Thr Ser Pro Thr Gln Glu

35					40					45					
Pro	Leu	Pro	Gly	Gly	Lys	Thr	Pro	Phe	Lys	Lys	Gly	His	Thr	Arg	Asn
50					55					60					
Lys	Ser	Thr	Ser	Ser	Ala	Met	Ser	Gly	Ser	His	Gln	Asp	Leu	Ser	Val
65					70					75					
Ile	Gln	Pro	Ile	Val	Lys	Asp	Cys	Lys	Glu	Ala	Asp	Leu	Ser	Leu	Tyr
85					90					95					
Asn	Glu	Phe	Arg	Leu	Trp	Lys	Asp	Glu	Pro	Thr	Met	Asp	Arg	Thr	Cys
100					105					110					
Pro	Phe	Leu	Asp	Lys	Ile	Tyr	Gln	Glu	Asp	Ile	Phe	Pro	Cys	Leu	Thr
115					120					125					
Phe	Ser	Lys	Ser	Glu	Leu	Ala	Ser	Ala	Val	Leu	Glu	Ala	Val	Glu	Asn
130					135					140					
Asn	Thr	Leu	Ser	Ile	Glu	Pro	Val	Gly	Leu	Gln	Pro	Ile	Arg	Phe	Val
145					150					155					
Lys	Ala	Ser	Ala	Val	Glu	Cys	Gly	Gly	Pro	Lys	Lys	Cys	Ala	Leu	Thr
165					170					175					
Gly	Gln	Ser	Lys	Ser	Cys	Lys	His	Arg	Ile	Lys	Leu	Gly	Asp	Ser	Ser
180					185					190					
Asn	Tyr	Tyr	Tyr	Ile	Ser	Pro	Phe	Cys	Arg	Tyr	Arg	Ile	Thr	Ser	Val
195					200					205					
Cys	Asn	Phe	Phe	Thr	Tyr	Ile	Arg	Tyr	Ile	Gln	Gln	Gly	Leu	Val	Lys
210					215					220					
Gln	Gln	Asp	Val	Asp	Gln	Met	Phe	Trp	Glu	Val	Met	Gln	Leu	Arg	Lys
225					230					235					
Glu	Met	Ser	Leu	Ala	Lys	Leu	Gly	Tyr	Phe	Lys	Glu	Glu	Leu		
245					250										

gtgogcgctc	cctcgggtgcg	gcgggctgcg	tgcgcgagtg	ggaggtggca	ggcctgcgac	60
tccggccttig	tccgcgcccg	ctctogggcg	gacgtctoca	gccatgaacc	ggtttgttac	120
cgggttggtg	ggagccacgg	cgacttcttc	gccgccgcg	aaggcccgca	gcaatgaaaa	180
cctcgacaaa	atagatatgt	ctttggatga	tatcatcaag	ttgaatcgaa	aggaagggaa	240
gaagcagaat	ttccaagac	taaatagaag	aotcctccag	caaagtgtg	cccagcaatt	300
caggatgaga	gtgcgatgg	gaatccaaca	gaattotggt	ttt~gtaaga	ctagtctgaa	360
tcatagagga	agagtaatgc	ctggaaagag	acgtccta	ggagttatca	ctggccttgc	420
agotaggaaa	acgactggaa	ttcgaaaagg	aattagtcct	atgaatcgtc	cacctctaag	480
tgacaagaat	atagaacaat	attttcagt	gttaaaaagg	aaggcaaac	ttctgagaca	540

```

aaatgaaggc cagaggaaac cagtagcagt tctcaagaga cctagccagc taagcagaaa 600
aaataacatt ccagctaatt ttaccaggag tggaaataaa ttaaatcaco agaaagatac 660
tcgtcaggca acttttcttt toagaagagg cctgaagggt caggcccagt tgaatacaga 720
acaactgcta gacgatgtag tagcaaagag aactcgtcaa tggcggactt ccaccacaaa 780
tggagggatt ttgactgtat ctattgacaa tcttggagca gtgcaatgcc cagtaactca 840
gaaaccacga ttaactcgta ctgctgtacc ttcatittta acaaagcggg ggcaaaagtga 900
cgtcaagaaa gttoctaaag gtgttccctt gcagtttgac ataaacagtg tcggaaaaca 960
gacagggatg acgttgaatg agcggtttgg gatcctgaag gaacaaagag ccactctcac 1020
atacaacaaa gggggaagcc gotttgtcac cgtgggatag gtcccatgtc aaaggaactt 1080
ttgagtgtat actctgagaa gttgaattgc ttgaagagtt catcacggaa attcaagaaa 1140
ctttacttca aaatattcac aaggctaaat aactcttatt tttatttttg aaggtttttt 1200
tttttaaaaa aaaaaacgta taaaataatg cctgaaaga ataataggga ttatacctgt 1260
ctgttcttaa agatttcatg gttggctcag acagaacaat catctgtttg acttctttgg 1320
ttcctcatgc agcagaagga agacagaaag atagaaattg attattttta tgatagcgtt 1380
attcaggatc tcatcacctt tgcccgtgtt ttagactttg tcatggtaaa tctgtgtctt 1440
cataaacatg agtaggtccc ttggttgcgt tcaactgccc tttaatagtg ttgatgtagt 1500
cagtgcogtt gccttttctt cattagagac acagaacaat gtattagaat ttccagctgt 1560
gggtttgaag acttaggggg acatccagaa cgtgcttctt ctttcagacg gtgtaaagtc 1620
ccctggaatt acacagcttt agtgcgtgagc ttttaacagg aaatgtggcc ctaggattat 1680
gtcttagttt aaaatgttgg tgtttagaga ctgtaaatgc atattcaca agttatctga 1740
tagggccttg gaggagaagg tccagtttta aaaaatgaac gtttgtgtt aataaatgaa 1800
ggcatgagag gaagtaagta gcaagttgaa ggacaggtag ttgagatgaa acacttcaaa 1860
accctggtta tagatgtact gtttggatgt agcatagtct tgagtctago gtccacaaag 1920
aattattcaa atgatattta gaagaattat aactattaca ttgaatggag tcccttggat 1980
attttgatag taaaattaat agccataaag tcttagactt cttatttgaa gttaaaattt 2040
cttatttgaa aagttgaaat ttatgagctt tgaagattgc taaattaaat aatttatagc 2100
tccaaaaaca aaaatatact tgtatatgtc acagagaaaa aaaatgcaaa atttataata 2160
gagttacatt aaccttgttg tttaccttcc actgatttct tatatggtat aaattaaagt 2220
tcaggcattt atggggagaa aaggccctcc ccaccgacct gccacctgcc acctctgacg 2280
gagtgaggaa agttagtctg tgotaagata gtactgagtc ccagatgtt gtgtactgta 2340
aattacagta taatgccaaa tgcagcaaaa tcttccagct gtacgttaca agtttggta 2400
ttttgaagct tgacatttta gtttgcatt atgttaaaaa catctaaata ggtgttagtt 2460
tctcaggagt agattgttag tgttgacttt tctgtaaaag cagacatcgt tcttggcctg 2520
ccctgcattg tatactagat ttcatgttg tctctcatgc ttcttgagtt gcttcatggt 2580
ttatgctcgc catggaaagc tatcagtaac agtttcatgc ttataccaaa gaattaaatc 2640
tgatctttaa tatctgatat tttcctggta ctctactga taagggatta ttggaagtca 2700
gtcacagaat ttggaataaa attctagtct ctcttagct atttgatgct tttcatatag 2760
gccaagaact cattgcaaaa catitttgca aggatgaatg cctgtatttg gtctaggaac 2820
agtacatttt agtctgattt agaattactg gtacttatt ttaagaoaag gaaaagcagc 2880
tgagctcaag tttgctgtct ttagaatggt ttgtgaaaat atggtataaa ggtgttttca 2940
ttttcctgtt cttacctatt attgtataga gctattcatg ccattttttg ggaaaacttt 3000
aaaaattgcc ccaataactg acattgagtg cattaaataa caaattatct ttgatacatt 3060
aaacttttat tcttcatgca tctgtaattt aattttaagt ataatgtttt gccttttgga 3120
caactaaatt aaaactcttg gtgtcacat attgtatata aacaaaacaa tatgctttgt 3180
tgaaggaaaa ttttctttat tggaatgtgg ttgtaatcct tgttcagttc ttaagtttcg 3240
gtttttttta aaaacaggat gcaacttaaa cttttctttg catoaaggta tatgaaaaac 3300
attggtgccg tgcattacca aatgaaagtt tgtatttaac gaggagggtc ttacactgtt 3360
actttttggt gttttttgga aaagttacat ttgatcttat tctgaagctg ttcattttta 3420

```

131/175

acaaataaaa tgttacaggt ttacacatg

3448

<210> 112

<211> 318

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 112

Met	Asn	Arg	Phe	Gly	Thr	Arg	Leu	Val	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr	Ser	Ser
1				5					10					15	
Pro	Pro	Pro	Lys	Ala	Arg	Ser	Asn	Glu	Asn	Leu	Asp	Lys	Ile	Asp	Met
			20					25					30		
Ser	Leu	Asp	Asp	Ile	Ile	Lys	Leu	Asn	Arg	Lys	Glu	Gly	Lys	Lys	Gln
		35					40					45			
Asn	Phe	Pro	Arg	Leu	Asn	Arg	Arg	Leu	Leu	Gln	Gln	Ser	Gly	Ala	Gln
	50					55					60				
Gln	Phe	Arg	Met	Arg	Val	Arg	Trp	Gly	Ile	Gln	Gln	Asn	Ser	Gly	Phe
	65				70					75					80
Gly	Lys	Thr	Ser	Leu	Asn	His	Arg	Gly	Arg	Val	Met	Pro	Gly	Lys	Arg
			85					90						95	
Arg	Pro	Asn	Gly	Val	Ile	Thr	Gly	Leu	Ala	Ala	Arg	Lys	Thr	Thr	Gly
		100						105					110		
Ile	Arg	Lys	Gly	Ile	Ser	Pro	Met	Asn	Arg	Pro	Pro	Leu	Ser	Asp	Lys
	115					120						125			
Asn	Ile	Glu	Gln	Tyr	Phe	Pro	Val	Leu	Lys	Arg	Lys	Ala	Asn	Leu	Leu
	130					135					140				
Arg	Gln	Asn	Glu	Gly	Gln	Arg	Lys	Pro	Val	Ala	Val	Leu	Lys	Arg	Pro
	145				150					155					160
Ser	Gln	Leu	Ser	Arg	Lys	Asn	Asn	Ile	Pro	Ala	Asn	Phe	Thr	Arg	Ser
			165					170						175	
Gly	Asn	Lys	Leu	Asn	His	Gln	Lys	Asp	Thr	Arg	Gln	Ala	Thr	Phe	Leu
	180							185					190		
Phe	Arg	Arg	Gly	Leu	Lys	Val	Gln	Ala	Gln	Leu	Asn	Thr	Glu	Gln	Leu
	195						200					205			
Leu	Asp	Asp	Val	Val	Ala	Lys	Arg	Thr	Arg	Gln	Trp	Arg	Thr	Ser	Thr
	210					215					220				
Thr	Asn	Gly	Gly	Ile	Leu	Thr	Val	Ser	Ile	Asp	Asn	Pro	Gly	Ala	Val
	225				230					235					240
Gln	Cys	Pro	Val	Thr	Gln	Lys	Pro	Arg	Leu	Thr	Arg	Thr	Ala	Val	Pro
			245					250						255	
Ser	Phe	Leu	Thr	Lys	Arg	Gly	Gln	Ser	Asp	Val	Lys	Lys	Val	Pro	Lys
		260						265					270		
Gly	Val	Pro	Leu	Gln	Phe	Asp	Ile	Asn	Ser	Val	Gly	Lys	Gln	Thr	Gly
	275					280					285				
Met	Thr	Leu	Asn	Glu	Arg	Phe	Gly	Ile	Leu	Lys	Glu	Gln	Arg	Ala	Thr
	290					295					300				
Leu	Thr	Tyr	Asn	Lys	Gly	Gly	Ser	Arg	Phe	Val	Thr	Val	Gly		

132/175

305

310

315

<210> 113

<211> 3388

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (395).. (2773)

<400> 113

```
acoggtaccg gccgcgcgct ggtagtcgcc ggtgtggctg caccacacca atcccggtcg 60
ccgcggctgg gccgtcggag agtgcgtgtg ctctctctct gcacgcggtg cttgggctcg 120
gccaggcggg gtcgcgccgc agggtttgag gatgggggag tagctacagg aagcgacccc 180
gcgatggcaa ggtatatttt tgtggaatga aaaggaagta ttagaaatga gctgaagacc 240
attcacagat taatatTTTT ggggacagat ttgtgatgct tgattcacc ttgaagtaat 300
gtagacagaa gttctcaaat ttgcatatta catcaactgg aaccagcagt gaatcttaat 360
gttcaacttaa atcagaactt gcataagaaa gagaatggga gtctgggtcaa ataaagatga 420
ctatatcaga gaattgaaaa ggatcattct ctgtttttotg atagtgtata tggccatttt 480
agtgggcaca gatcaggatt ttacagttt acttggagtg tccaaaactg caagcagtag 540
agaaataaga caagctttca agaaattggc attgaagtta catctgata aaaaccogaa 600
taacccaaat gcacatggcg atttttttaa aataaataga gcatatgaag tactcaaaga 660
tgaagatcta cgaaaaaagt atgacaaata tggagaaaag ggacttgagg ataatoaagg 720
tggccagtat gaaagctgga actattatcg ttatgatttt ggtatttatg atgatgatcc 780
tgaaatcata acattggaaa gaagagaatt tgatgctgct gtttaattctg gagaactgtg 840
gtttgtaaat ttttactccc caggctgttc aactgcat gatttagctc ccacatggag 900
agactttgct aaagaagtgg atgggttact tcgaattgga gotgttaact gtggtgatga 960
tagaatgctt tgccgaatga aaggagtcaa cagctatccc agcctcttca tttttcggtc 1020
tggaatggcc ccagtgaat atcatggaga cagatcaaaag gagagtttag tgagttttgc 1080
aatgcagcat gttagaagta cagtgcagaa actttggaga ggaaattttg tcaactccat 1140
acaactgct tttgctgctg gtattggctg gctgatcact tttgtttcaa aaggaggaga 1200
ttgtttgact tcacagacac gactcaggct tagtggcatg ttggatggtc ttgttaatgt 1260
aggatggatg gactgtgcca ccaggataa ctttgttaa agcttagata ttacaacaag 1320
tactactgct tattttctc ctggagccac tttaaataac aaagagaaa acagtatttt 1380
gtttotcaac tcattggatg ctaaagaaat atatttgga gtaatacata atcttcaga 1440
ttttgaacta ctttcggcaa acacactaga ggatogtttg gctcatcatc ggtggctgtt 1500
attttttcat ttggaaaaa atgaaaattc aaatgatcct gagctgaaa aactaaaaac 1560
tctacttaaa aatgatcata ttcaagttgg caggtttgac tgttctctg caccagacat 1620
ctgtagtaat ctgtatgtt ttacgccgtc tctagcagta tttaaaggac aaggaaccaa 1680
agaatatgaa attcatcatg gaaagaagat totatatgat atacttgcct ttgccaaaga 1740
aagtgtgaat tctcatgta ccacgcttgg acctcaaaat ttctctgcca atgacaaaga 1800
acctggcctt gttgatttt ttgccccctg gtgtccacca tctogagctt tactaccaga 1860
gttacgaaga gcatcaaat ttctttatgg tcagcttaag ttgtgtacac tagattgtac 1920
agtcoatgag ggactctgta acatgtataa cattcaggct tatccaaca cagtgttatt 1980
caaccagtcc aacattcatg agtatgaagg acatcactct gotgaacaaa tottgagtt 2040
catagaggat ottatgaatc cttcagttgt ctccottaca ccaccacct tcaacgaact 2100
```

133/175

```

agttacacaa agaaaacaca aogaagtctg gatggttgat ttctattctc cgtggtgtca 2160
tccttgcoaa gtcttaatgc cagaatggaa aagaatggcc cggacattaa ctggactgat 2220
caacgtgggc agtatagatt gccaacagta tcattctttt tgtgccaggg aaaacgttca 2280
aagataccct gagataagat tttttccccc aaaatcaaat aaagcttctc attatcacag 2340
ttacaatggt tggaaatagg atgcttattc cctgagaatc tggggtctag gatttttacc 2400
tcaagtatcc acagatctaa cacctcagac ttccagtcaa aaagttctac aagggaacaa 2460
tcattgggtg attgatttct atgctccttg gtgtggacct tgccagaatt ttgctccaga 2520
atttgagctc ttggctagga tgattaaagg aaaagtgaag gotggaaaag tagactgtca 2580
ggcttatgct cagacatgcc agaaagctgg gatcagggcc tatccaactg ttaaatttta 2640
tttctacgaa agagcaaata gaaattttca agaagagcag ataaatacca gagatgcaa 2700
agcaatcgct gccttaataa gtgaaaaatt ggaaactctc cgaaatcaag gcaagaggaa 2760
taaggatgaa ctttgataat gttgaagatg aagaaaaagt ttaaaagaaa ttotgacaga 2820
tgacatcaga agacacctat ttagaatgtt acatttatga tgggaatgaa tgaacattat 2880
cttagaactg cagtgtgact gccagaatta tctacagcac tgggtgtaaa gaagggtctg 2940
caaacttttt ctgtaaaggg cgggtttata agtatttttag actttgcagg ctataatata 3000
tggttcacac atgagaacaa gaatagagtc atcatgtatt ctttgttatt tgottttaac 3060
aacctttaaa aatattataa acgattctta gctcagagcc atacaaaagt aggctggatt 3120
cagtccatgg accatagatt gctgtccccc tgcacggact tataatgttt cagggtggctg 3180
gcttgaacat gactctgctg tgotatctac ataaatgtct aagttgtata aagtccaact 3240
tcccttcacg tttttgggtg gacctgaaaa gaggttaact agtttttggg cacttgttct 3300
cctaaaaatg ctatccctaa ccatgtattt atattccgtt ttaaaaacac ccatgatgtg 3360
gcacagtaaa caaaccctgt tatgctgt 3388

```

<210> 114

<211> 793

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 114

```

Met Gly Val Trp Ser Asn Lys Asp Asp Tyr Ile Arg Asp Leu Lys Arg
  1           5           10          15
Ile Ile Leu Cys Phe Leu Ile Val Tyr Met Ala Ile Leu Val Gly Thr
  20          25          30
Asp Gln Asp Phe Tyr Ser Leu Leu Gly Val Ser Lys Thr Ala Ser Ser
  35          40          45
Arg Glu Ile Arg Gln Ala Phe Lys Lys Leu Ala Leu Lys Leu His Pro
  50          55          60
Asp Lys Asn Pro Asn Asn Pro Asn Ala His Gly Asp Phe Leu Lys Ile
  65          70          75          80
Asn Arg Ala Tyr Glu Val Leu Lys Asp Glu Asp Leu Arg Lys Lys Tyr
  85          90          95
Asp Lys Tyr Gly Glu Lys Gly Leu Glu Asp Asn Gln Gly Gly Gln Tyr
 100         105         110
Glu Ser Trp Asn Tyr Tyr Arg Tyr Asp Phe Gly Ile Tyr Asp Asp Asp
 115         120         125
Pro Glu Ile Ile Thr Leu Glu Arg Arg Glu Phe Asp Ala Ala Val Asn
 130         135         140

```


134/175

Ser Gly Glu Leu Trp Phe Val Asn Phe Tyr Ser Pro Gly Cys Ser His
 145 150 155 160
 Cys His Asp Leu Ala Pro Thr Trp Arg Asp Phe Ala Lys Glu Val Asp
 165 170 175
 Gly Leu Leu Arg Ile Gly Ala Val Asn Cys Gly Asp Asp Arg Met Leu
 180 185 190
 Cys Arg Met Lys Gly Val Asn Ser Tyr Pro Ser Leu Phe Ile Phe Arg
 195 200 205
 Ser Gly Met Ala Pro Val Lys Tyr His Gly Asp Arg Ser Lys Glu Ser
 210 215 220
 Leu Val Ser Phe Ala Met Gln His Val Arg Ser Thr Val Thr Glu Leu
 225 230 235 240
 Trp Thr Gly Asn Phe Val Asn Ser Ile Gln Thr Ala Phe Ala Ala Gly
 245 250 255
 Ile Gly Trp Leu Ile Thr Phe Cys Ser Lys Gly Gly Asp Cys Leu Thr
 260 265 270
 Ser Gln Thr Arg Leu Arg Leu Ser Gly Met Leu Asp Gly Leu Val Asn
 275 280 285
 Val Gly Trp Met Asp Cys Ala Thr Gln Asp Asn Leu Cys Lys Ser Leu
 290 295 300
 Asp Ile Thr Thr Ser Thr Thr Ala Tyr Phe Pro Pro Gly Ala Thr Leu
 305 310 315 320
 Asn Asn Lys Glu Lys Asn Ser Ile Leu Phe Leu Asn Ser Leu Asp Ala
 325 330 335
 Lys Glu Ile Tyr Leu Glu Val Ile His Asn Leu Pro Asp Phe Glu Leu
 340 345 350
 Leu Ser Ala Asn Thr Leu Glu Asp Arg Leu Ala His His Arg Trp Leu
 355 360 365
 Leu Phe Phe His Phe Gly Lys Asn Glu Asn Ser Asn Asp Pro Glu Leu
 370 375 380
 Lys Lys Leu Lys Thr Leu Leu Lys Asn Asp His Ile Gln Val Gly Arg
 385 390 395 400
 Phe Asp Cys Ser Ser Ala Pro Asp Ile Cys Ser Asn Leu Tyr Val Phe
 405 410 415
 Gln Pro Ser Leu Ala Val Phe Lys Gly Gln Gly Thr Lys Glu Tyr Glu
 420 425 430
 Ile His His Gly Lys Lys Ile Leu Tyr Asp Ile Leu Ala Phe Ala Lys
 435 440 445
 Glu Ser Val Asn Ser His Val Thr Thr Leu Gly Pro Gln Asn Phe Pro
 450 455 460
 Ala Asn Asp Lys Glu Pro Trp Leu Val Asp Phe Phe Ala Pro Trp Cys
 465 470 475 480
 Pro Pro Cys Arg Ala Leu Leu Pro Glu Leu Arg Arg Ala Ser Asn Leu
 485 490 495
 Leu Tyr Gly Gln Leu Lys Phe Gly Thr Leu Asp Cys Thr Val His Glu
 500 505 510
 Gly Leu Cys Asn Met Tyr Asn Ile Gln Ala Tyr Pro Thr Thr Val Val
 515 520 525

135/175

Phe Asn Gln Ser Asn Ile His Glu Tyr Glu Gly His His Ser Ala Glu
 530 535 540
 Gln Ile Leu Glu Phe Ile Glu Asp Leu Met Asn Pro Ser Val Val Ser
 545 550 555 560
 Leu Thr Pro Thr Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Gln Arg Lys His Asn
 565 570 575
 Glu Val Trp Met Val Asp Phe Tyr Ser Pro Trp Cys His Pro Cys Gln
 580 585 590
 Val Leu Met Pro Glu Trp Lys Arg Met Ala Arg Thr Leu Thr Gly Leu
 595 600 605
 Ile Asn Val Gly Ser Ile Asp Cys Gln Gln Tyr His Ser Phe Cys Ala
 610 615 620
 Gln Glu Asn Val Gln Arg Tyr Pro Glu Ile Arg Phe Phe Pro Pro Lys
 625 630 635 640
 Ser Asn Lys Ala Tyr His Tyr His Ser Tyr Asn Gly Trp Asn Arg Asp
 645 650 655
 Ala Tyr Ser Leu Arg Ile Trp Gly Leu Gly Phe Leu Pro Gln Val Ser
 660 665 670
 Thr Asp Leu Thr Pro Gln Thr Phe Ser Glu Lys Val Leu Gln Gly Lys
 675 680 685
 Asn His Trp Val Ile Asp Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly Pro Cys Gln
 690 695 700
 Asn Phe Ala Pro Glu Phe Glu Leu Leu Ala Arg Met Ile Lys Gly Lys
 705 710 715 720
 Val Lys Ala Gly Lys Val Asp Cys Gln Ala Tyr Ala Gln Thr Cys Gln
 725 730 735
 Lys Ala Gly Ile Arg Ala Tyr Pro Thr Val Lys Phe Tyr Phe Tyr Glu
 740 745 750
 Arg Ala Asn Arg Asn Phe Gln Glu Glu Gln Ile Asn Thr Arg Asp Ala
 755 760 765
 Lys Ala Ile Ala Ala Leu Ile Ser Glu Lys Leu Glu Thr Leu Arg Asn
 770 775 780
 Gln Gly Lys Arg Asn Lys Asp Glu Leu
 785 790

<210> 115

<211> 1286

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (32).. (1171)

<400> 115

gcttcctcgt tgcctccgcc gggggcgcca gatggattcc ggtgctggt tgttcggcgg 60
 cgagttcgag gactcgtgt tgcaggagag gccggagcgg cggtcaggac cgcctcgcto 120

136/175

```

ctactgcgcc aagctctgcg agccgcagtg gttttatgaa gaaacagaaa gcagtgatga 180
tgttgaagtg ctgactctca agaaattcaa aggagacctg gcctacagac gacaagagta 240
tcagaaagca ctgcaggagt attocagtat ctotgaaaaa ttgtcatcaa ccaattttgc 300
catgaaaagg gatgtccagg aaggtcaggc tcggtgtctg gtcacctgg gtaggcata 360
ggaggcgctg gagattgctg caaacttgga aaataaagca accaacacag accatttaac 420
cacggtactc tacotccagc ttgotatttg ttoaagtttg cagaacttgg agaaaacaat 480
tttctgcctg cagaaactga tttctttgca tcottttaat cottggaact ggggcaaatt 540
ggcagaggct tacotgaatc tggggccagc tctttcagca gcacttgcgt catctcagaa 600
acagcacagt ttcacctcaa gtgacaaaac tatcaaatcc ttctttccac actcaggaaa 660
agactgtctt ttgtgttttc ctgaaacott gcotgagagc totttatttt ctgttgaagc 720
gaatagcagt aatagccaga aaaatgagaa agctotgaca aatatccaaa actgtatggc 780
agaaaagaga gaaacagtggt tgatagagac tcagctgaaa gcattgtgct cttttatacg 840
aaccaggctt ctgottcagt ttaoccaaacc tcagaaaaca tcgtttgctt tggagaggaa 900
cttaaggact cagcaggaaa ttgaagataa aatgaaaggg ttcagcttca aagaagacac 960
tttgtgttg atagctgagg ttatgggaga agatatccca gaaaaataa aagatgaagt 1020
tcaccagag gtgaagtgtg ttggtccgt agccctgact gccttggtga ctgtatctc 1080
agaagaattt gaagacaagt ggttcagaaa gatcaaagac cattctgtc catttgaaaa 1140
tcagttccat acagagatac aaatcttggc ttagtgggtt ataaaaaca aaaccacaaa 1200
tatcttgtac tgtattaatt gtcttgttt acttcagaca ggatccattg ctaatcatgg 1260
agtataaatg attatttatg ttttat 1286

```

<210> 116

<211> 380

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 116

```

Met Asp Ser Gly Cys Trp Leu Phe Gly Gly Glu Phe Glu Asp Ser Val
 1           5           10           15
Phe Glu Glu Arg Pro Glu Arg Arg Ser Gly Pro Pro Ala Ser Tyr Cys
 20           25           30
Ala Lys Leu Cys Glu Pro Gln Trp Phe Tyr Glu Glu Thr Glu Ser Ser
 35           40           45
Asp Asp Val Glu Val Leu Thr Leu Lys Lys Phe Lys Gly Asp Leu Ala
 50           55           60
Tyr Arg Arg Gln Glu Tyr Gln Lys Ala Leu Gln Glu Tyr Ser Ser Ile
 65           70           75           80
Ser Glu Lys Leu Ser Ser Thr Asn Phe Ala Met Lys Arg Asp Val Gln
 85           90           95
Glu Gly Gln Ala Arg Cys Leu Ala His Leu Gly Arg His Met Glu Ala
100           105           110
Leu Glu Ile Ala Ala Asn Leu Glu Asn Lys Ala Thr Asn Thr Asp His
115           120           125
Leu Thr Thr Val Leu Tyr Leu Gln Leu Ala Ile Cys Ser Ser Leu Gln
130           135           140
Asn Leu Glu Lys Thr Ile Phe Cys Leu Gln Lys Leu Ile Ser Leu His
145           150           155           160

```

137/175

Pro Phe Asn Pro Trp Asn Trp Gly Lys Leu Ala Glu Ala Tyr Leu Asn
 165 170 175
 Leu Gly Pro Ala Leu Ser Ala Ala Leu Ala Ser Ser Gln Lys His
 180 185 190
 Ser Phe Thr Ser Ser Asp Lys Thr Ile Lys Ser Phe Phe Pro His Ser
 195 200 205
 Gly Lys Asp Cys Leu Leu Cys Phe Pro Glu Thr Leu Pro Glu Ser Ser
 210 215 220
 Leu Phe Ser Val Glu Ala Asn Ser Ser Asn Ser Gln Lys Asn Glu Lys
 225 230 235 240
 Ala Leu Thr Asn Ile Gln Asn Cys Met Ala Glu Lys Arg Glu Thr Val
 245 250 255
 Leu Ile Glu Thr Gln Leu Lys Ala Cys Ala Ser Phe Ile Arg Thr Arg
 260 265 270
 Leu Leu Leu Gln Phe Thr Gln Pro Gln Gln Thr Ser Phe Ala Leu Glu
 275 280 285
 Arg Asn Leu Arg Thr Gln Gln Glu Ile Glu Asp Lys Met Lys Gly Phe
 290 295 300
 Ser Phe Lys Glu Asp Thr Leu Leu Leu Ile Ala Glu Val Met Gly Glu
 305 310 315 320
 Asp Ile Pro Glu Lys Ile Lys Asp Glu Val His Pro Glu Val Lys Cys
 325 330 335
 Val Gly Ser Val Ala Leu Thr Ala Leu Val Thr Val Ser Ser Glu Glu
 340 345 350
 Phe Glu Asp Lys Trp Phe Arg Lys Ile Lys Asp His Phe Cys Pro Phe
 355 360 365
 Glu Asn Gln Phe His Thr Glu Ile Gln Ile Leu Ala
 370 375 380

<210> 117

<211> 1836

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (283).. (732)

<400> 117

cacttaacac actcttgatg acatatggca ggttcttggt attgacaccc gtgtggotgc 60
 aggtggcatg aatcatgcat ggcttgtctg gatctgtctt ctgcagagcc cattctctct 120
 gtcttttgcg agtctggact ggagagcaac ttccctgagt caggactctt gctgctaatt 180
 gcagaaaacc agcagtctct gtgaagtgtt ggtgtttcca gagttcagct gtaaaatata 240
 gaatctctcat taattgtatt tacaactata ttgagcaaac caatgttggt ctttattaat 300
 gtacagacca aaaaagacac ctcaaaagaa aggacgtacg cgtttcttgt aaacacgagg 360
 caccocaaga taagaagaca gatagagcaa gggatggaca tggatcatct ctcagtgtt 420
 ggagaaagt accggcttca gtttgatttt caagaggcag tgaagaattt cttcccccca 480

138/175

```

ggaaatgaag tggtaaag agaaaattta agctttgcat atgaattcaa agctgatgca 540
ttatttgatt tcttctattg gtttgggctc agtaattccg ttgtaaaagt aaatggaaaa 600
gttcttttag gttcaataga tgatgttttt aactgcaate tgtcaccag atcatctctg 660
acagagccto ttttggcaga attaccattt ccaagtgttc tggaatctga agagacaccc 720
aaccaattta tctgattgaa ctgaacattg tagcagttgc tccgcactc caggcctgtg 780
ctagactata ggctgggggg agggtaggag gtgggaggca gatacttcca cctgcgtgtc 840
aatctcoggc tctccatgg cttctatgga ggactcctct ottctgcttc tgtggatgtg 900
atgccotggo agggccaggg cagctgattc cctaaaaact tatgattacc aggatggaaa 960
ggccttggtc ccatggcact gggtagggct gggggatatt ctctactttg aacacttctc 1020
ccaagaggoa gaagggccac agagttctgc caccctgaac atttttctca gttccctggg 1080
agtttttggt gcagcctttg tgggagtggt ctgactggct gttgaacctag catgcttcat 1140
aaatcagggt ttggccctct gcttgaggca tccaaccctc tgaactcaaa cctgtcgago 1200
aaggggttaa gagttctgtt ctcttgccaa cctggctggg caaaagcctg tgccatcttt 1260
cactgggagg caaatatgtt ttcatcctg ccatatgaca cctatgagaa acgttcacag 1320
tgaggagtag ccaggttgct aggacagtaa cctgccaca cactgcctga aatcggaact 1380
cccttggoct ccctcttaac taagtaccc atgtagaagg aagccaggag atatggtacc 1440
gaacaatgac aggggaaggg tattggacac ggcagcgtcc tccttattga aaacacatta 1500
tgtcagttgg gaattttaaa taagctttta gcaaacctaa cactaaaagc aaaatagaag 1560
aaagctatac cattaccata atacattttt catctcatgg ctacaatgga attcttgaaa 1620
agggaaaaaa aatcctatct acatataaaa acctgcatga atgaatcaact acatagctt 1680
ataatgagga agagttatgg gtctgagtg taatttttta tcctttctta aaaagtttct 1740
gtattatgca ttttgataac actactgatg atccttcac ttacatttga aatgttatgt 1800
accacattg cacaattaaa acttttctta gcattc 1836

```

<210> 118

<211> 150

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 118

Met	Leu	Phe	Phe	Ile	Asn	Val	Gln	Thr	Lys	Lys	Asp	Thr	Ser	Lys	Glu
1				5					10					15	
Arg	Thr	Tyr	Ala	Phe	Leu	Val	Asn	Thr	Arg	His	Pro	Lys	Ile	Arg	Arg
			20					25					30		
Gln	Ile	Glu	Gln	Gly	Met	Asp	Met	Val	Ile	Ser	Ser	Val	Ile	Gly	Glu
		35				40						45			
Ser	Tyr	Arg	Leu	Gln	Phe	Asp	Phe	Gln	Glu	Ala	Val	Lys	Asn	Phe	Phe
	50					55					60				
Pro	Pro	Gly	Asn	Glu	Val	Val	Asn	Gly	Glu	Asn	Leu	Ser	Phe	Ala	Tyr
	65				70				75					80	
Glu	Phe	Lys	Ala	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Phe	Phe	Tyr	Trp	Phe	Gly	Leu
			85					90						95	
Ser	Asn	Ser	Val	Val	Lys	Val	Asn	Gly	Lys	Val	Leu	Leu	Gly	Ser	Ile
			100				105						110		
Asp	Asp	Val	Phe	Asn	Cys	Asn	Leu	Ser	Pro	Arg	Ser	Ser	Leu	Thr	Glu
		115					120					125			
Pro	Leu	Leu	Ala	Glu	Leu	Pro	Phe	Pro	Ser	Val	Leu	Glu	Ser	Glu	Glu

139/175

130 135 140
Thr Pro Asn Gln Phe Ile
145 150

<210> 119
<211> 1863
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (460).. (1233)

<400> 119

```
accctcggcg cgccgcggcg gatcagcgtc ctccagccgc gctgccccgg cccaccgtgc 60
agctgtagcc gggcgcggtt ggcgcggttg cgcagggcgc tgcaggcgcc cccattgttg 120
agcgcggttg gccccgcggc cgaatgccgc cgccgcctcc tcggagcgcc gccgaagttt 180
gaacttggcg tcggcgctga gccccgagca gccccggggc ggccggccgc aggcgagcgg 240
cgatgagatg tgtgcacaga cccaggccat gcagatactg gtgcctctaa cttcgtcagc 300
ccttagaaca tgaattgctg tccccagtgg agaagaaacc agaagctaca gccaaagtatg 360
tccccccaa agtccatttc ttttcagtgc ctgaaaatga ggaggatgcc tccctgaaga 420
gacatctcac acctccccaa ggcaacagcc cacaatccaa tgagagaaag agcaccoccc 480
cctcctccac cgagtcagga aaccccgttg tatagcatgg atgacttccc tccacctcct 540
ccccacactg tatgtgaggc gcagctggac agtgaggatc ccgagggggc acgccccagc 600
ttcaacaaac tttctaaagt gacaattgca agggaaaggo acatgcctgg tgcagcccat 660
gtggtaggta gtcagacact ggcttccaga ctccaaactt ctatcaaggg ttcagaggct 720
gagtcacac caccctcctt catgagcgtt cagcccaac ttgctgggtc tcttgggtgg 780
cagccagcac ccatccagac tcaaagcctc agccatgac cagtcagtgg aactcagggt 840
ttagaaaaga aagtcagtcc tgatcctcag aagagttcag aagacatcag aacagaggct 900
ttggccaagg aaattgtoca ccaagacaaa tctctagcag acattttgga tccagactcc 960
aggctgaaga caacaatgga cctgatggaa ggtttatttc cccgagatgt gaacttgcgt 1020
aaggaaaaca gtgtaaagag gaaggccata cagagaactg tcagctcttc aggatgtgaa 1080
ggcaagagga atgaagacaa ggaagcagtg agcatgttg ttaactgccc toagatttca 1140
ttcccaaggc tggggccctg gctctgcccc caaacctcac gagttagccc attcctgctg 1200
ggggctgtac tttcagtggg attttcccaa cattaacctc tccactttaa cctcttctaa 1260
aatacccaac caaaagatca ctgtttctct caaactatt taatctgaaa aatgtttcag 1320
tacaaccac tgtttgaact atctgggtta ttgtgtttg ttctgatga aaggaaaaaa 1380
aattctctcc aggaggaagc ctttttctct cttgcccctc ctgattgac ttctgagagc 1440
tcgaatgctg ctggacacgt acccctttct attattactt ttagtagaa agaaagttaa 1500
tgaaactgag aactgattgg aggggtgttg atcatttagt ttttaacagg ctgaggcaac 1560
atggatcagt gtgtgtcccc ctccaggaatg tatccacagt ggcttctct gctgtgtggc 1620
agtgtatcct gatggcaggg tacaagtacc attaatgaag ggtctgcaac ataaagcctt 1680
aaaaagacac aactaagaa aactgtaaaa ctttgaacat tgtattttat attttttaaa 1740
atggaaaaga tcactatgtt tgttgtgcta accacttatt tgattctgtt ttgtgttgga 1800
catagatgat tacgtttgag ctttgtattt tgtgaaaacc ttaatgaaat gaattccaaa 1860
gat 1863
```

140/175

<210> 120
 <211> 258
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 120

```

Met Arg Glu Arg Ala Pro Pro Pro Pro Pro Ser Gln Glu Thr Pro
 1           5           10           15
Val Tyr Ser Met Asp Asp Phe Pro Pro Pro Pro His Thr Val Cys
          20           25           30
Glu Ala Gln Leu Asp Ser Glu Asp Pro Glu Gly Pro Arg Pro Ser Phe
          35           40           45
Asn Lys Leu Ser Lys Val Thr Ile Ala Arg Glu Arg His Met Pro Gly
          50           55           60
Ala Ala His Val Val Gly Ser Gln Thr Leu Ala Ser Arg Leu Gln Thr
          65           70           75           80
Ser Ile Lys Gly Ser Glu Ala Glu Ser Thr Pro Pro Ser Phe Met Ser
          85           90           95
Val His Ala Gln Leu Ala Gly Ser Leu Gly Gly Gln Pro Ala Pro Ile
          100          105          110
Gln Thr Gln Ser Leu Ser His Asp Pro Val Ser Gly Thr Gln Gly Leu
          115          120          125
Glu Lys Lys Val Ser Pro Asp Pro Gln Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg
          130          135          140
Thr Glu Ala Leu Ala Lys Glu Ile Val His Gln Asp Lys Ser Leu Ala
          145          150          155          160
Asp Ile Leu Asp Pro Asp Ser Arg Leu Lys Thr Thr Met Asp Leu Met
          165          170          175
Glu Gly Leu Phe Pro Arg Asp Val Asn Leu Leu Lys Glu Asn Ser Val
          180          185          190
Lys Arg Lys Ala Ile Gln Arg Thr Val Ser Ser Ser Gly Cys Glu Gly
          195          200          205
Lys Arg Asn Glu Asp Lys Glu Ala Val Ser Met Leu Val Asn Cys Pro
          210          215          220
Gln Ile Ser Phe Pro Arg Leu Gly Pro Trp Leu Cys Pro Gln Thr Ser
          225          230          235          240
Arg Val Ser Pro Phe Leu Leu Gly Ala Val Leu Ser Val Val Phe Ser
          245          250          255
Gln His

```

<210> 121
 <211> 2203
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

141/175

<220>

<221> CDS

<222> (91).. (564)

<400> 121

```
gttgtctttc tgtctcgggt gaggcagcca tttttctctt gccgcgtgct ggtgttggag 60
gacctccct gottcagatt taccaacagc atgaatcaag aaaagttagc caaacttcag 120
gctcaggtoe ggataggggg caagggtaca gctcgcagaa agaagaaggt ggtacataga 180
acagccacag ctgatgacaa aaagcttcag agttctctaa aaaaactggc tgtgaataat 240
atagctggta ttgaagaggt gaacatgatt aaagatgatg ggacagttat tcatttcaac 300
aatcccaaag tccaagcttc cttttctgct aatacctttg caattactgg tcatgcagaa 360
gccccaccaa tcacagaaat gottcctgga atattaagtc agotttggtgc tgacagttta 420
acaagcctta ggaagttagc tgaacagttc ccacggcaag tcttgacag taaagcacca 480
aaaccagagg acattgatga ggaagatgat gatgttccag atctttaga aaattttgat 540
gaggcatcaa agaatgaagc taactaaaag tttggttttt ggaagctggc atggactaga 600
tttaacaaat cagctatgtg gttccaaagt ttacagaca tggagaacat cacctgttac 660
tagttcagta atataaatat tttgtatatt aataatgctg tttgttcagc atttttcggg 720
catttgattt tgcattttgc acttctctcc aggatatttt tttgggtcaa atatgaagta 780
ttggtgcagt ttgagggtgt tttggttttt gattcctggt tttttgttt tttgtttggg 840
gtatttttgg tgtatgtatg tttatgtatg tgtgtgggta tgtgtgtata cagtggagag 900
caaattggaa aacagttcta tttatcctcc tccctcccca gtagaaataa aaaaaatott 960
tacatttgtt acttttcttt tcccccgta agacacagaa ttaatggaaa gtgagtatct 1020
tggatttcaa atctgaagag atttttacca ttagtggttt gattttaatt tgccttggtta 1080
actatcatat ttttcataca cttctctgga tttaaaatat cttgaggtat tttgccactg 1140
gottcatgct ggagtaatgg gtaacatato tttggtatgg ttgcottaga ttaacttacc 1200
tagtcagacc cagaagaact tcttttacta gottgcttcc taaatgcctt ttttctctc 1260
cttttggtot ccaaatggcc tggtcagctt ttggtaatat tcttctcat cttccacct 1320
gottgagaag gatgttctcc atatagagtt tagcgagtgc ctaatccctc cttttgtaag 1380
attttgttcc ctcagcttga ggaacaactt catcttcaac tttttatttc tccctgatgt 1440
tacagtttgg tagatttcaa actggaatag ctagcatgtg cttgctaaat aattttatgc 1500
cagccttato ctgtatccta gotgttctta acagcaggt  caaaaatgcc tgtttttcag 1560
caaggttgaa attgggaatg tctttttgaa tcagaagaaa ataggccata gactcatctc 1620
ccagcacaaa tgggcattct atgaaatggg actggcccta ggaggatttc ctcaaccact 1680
ctcctactot tggccttgaa cctacctctg ggttggatct tactattgta gctgctcact 1740
ataccctcct gcatgcttag aataatgctt tgaggggago actggtaaaa cacagtattt 1800
atttttttac ctcctttaag aggacttgga ggtaagttgc attcattcac tcaagtttcc 1860
ctcttgctgt ctaatagaag cttacttttt gctatatcag catttggtac agccaatatt 1920
taaggacaaa atttagaaaa tatatcattt cctggcccat catcaaaacta atacagotta 1980
accttgagc taccaatttt tgtgtcaagc tagatatctt tatttgatat ctaagggtgca 2040
agaccaacaa tatattaaga gatctgtaga catgaaggca aagctcttgt attttttttc 2100
atccaaacac ctcaatttat tttataaatt cgttcatttt tctgttatg ttttatataa 2160
tatatggact aaacaaaata aaataacagt gcaaaagaga aac 2203
```

<210> 122

<211> 158

<212> PRT

<213> Homo sapiens

142/175

<400> 122

Met Asn Gln Glu Lys Leu Ala Lys Leu Gln Ala Gln Val Arg Ile Gly
 1 5 10 15
 Gly Lys Gly Thr Ala Arg Arg Lys Lys Val Val His Arg Thr Ala
 20 25 30
 Thr Ala Asp Lys Lys Leu Gln Ser Ser Leu Lys Lys Leu Ala Val
 35 40 45
 Asn Asn Ile Ala Gly Ile Glu Val Asn Met Ile Lys Asp Asp Gly
 50 55 60
 Thr Val Ile His Phe Asn Asn Pro Lys Val Gln Ala Ser Leu Ser Ala
 65 70 75 80
 Asn Thr Phe Ala Ile Thr Gly His Ala Glu Ala Lys Pro Ile Thr Glu
 85 90 95
 Met Leu Pro Gly Ile Leu Ser Gln Leu Gly Ala Asp Ser Leu Thr Ser
 100 105 110
 Leu Arg Lys Leu Ala Glu Gln Phe Pro Arg Gln Val Leu Asp Ser Lys
 115 120 125
 Ala Pro Lys Pro Glu Asp Ile Asp Glu Glu Asp Asp Val Pro Asp
 130 135 140
 Leu Val Glu Asn Phe Asp Glu Ala Ser Lys Asn Glu Ala Asn
 145 150 155

<210> 123

<211> 1696

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (62).. (898)

<400> 123

actgcggtgt ggactcgagg gctgggcgcg gggccgggogo agaagccgcc agctggagac 60
 gatggtggac cacttggcca acacggagat caacagccag cgcacgcgg cagtggagag 120
 ctgcttcggg gcttcggggc agccgctggc gctgccaggc cgagtgtgc tgggcgaggg 180
 cgtgctgacc aaagagtgc gcaagaaggc caagccgggc atcctcttc tcttaacga 240
 catcctggtg tatggcagca tcgtgctcaa caagcgaag taccgcagcc agcacatcat 300
 ccccttgag gaggtcacac tggagctgtt gccggagacg ctgcaggcca agaaccgtg 360
 gatgatcaag acggccaaga agtccttgtt ggtgtcggcc gcctccgcta cggagcgcca 420
 ggaatggatt agccacatcg aggagtgggt gccggggcaa ctgagggcca cgggcccgcc 480
 gccagcacg gagcacgcgg caccctggat ccccgacaag gccacggaca tctgcatgag 540
 ctgcacgcag acgccttot ctgccctcac gaggcgccac cactgccgca agtgoggctt 600
 cgtggtctgc gctgagtgt cgcgcagcg cttcctgtc ccgcgcctgt cccccaagcc 660
 cgtgcgcgtc tgcagcctot gctaccgoga actggccgcc cagcagcggc aggaggaggc 720
 ggaggagcag ggccgggggt cccaggggca gccagccac ctggcccggc ccatctgcgg 780
 agcgtccagt ggagatgaag atgactccga caggagacaag gagggcagca gggacggcga 840

143/175

```

ctggcccagc agcgtggagt tctacgcctc gggggtggcc tggctgcct tccacagctg 900
acccccggcc tgcagaacat ctgtcccaa gccagctcca ctgcccaggc ccctaagagg 960
gcagctccag aagctgccc gggctccggg acccatccc atgggtggcag gtgcagcggt 1020
ggggagtggc tctttctgga ctcccagtc ctttttgctg gacactgtgt ccttatggct 1080
tcaactgcagg taatgcctt ccttcagga agcccagaa caccacagg tcttggtaac 1140
aaacgccacc ttacactctg caggctgcag cggcagctcc agatggcctc ctgagctgga 1200
cgaccccagg tctccagaca tctagggacc agagcagggt tgggaacaca gagggaagac 1260
aggatgggag tgtagccaca gaacccacct gcacctgac aggcacaccc cactgaagag 1320
cctgagtccc aggaggcctc ctggaagccc aggaactgcc acccaccacg ctggtgccc 1380
ccgcctggcc agccaagccc tgcgatcag acatgtgggc tccccgaagc ccagccagag 1440
actgccgtgc tgtgggtgcc accaggccca gggactgcag cctgagctcc ccgaggccca 1500
gggcagccgg gtgaggactc tgtcctgtgt cactctctc cagggtgtcc gctgtctcat 1560
gctttttgt cctgtctca gctctcgtg tggtcagca aaccattgtt tctgttagg 1620
actcagttgc aagaacagaa accctgcccc cacttaataa taaaaaagaa agtttattga 1680
tgggtggtg caaac 1696

```

<210> 124

<211> 279

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 124

```

Met Val Asp His Leu Ala Asn Thr Glu Ile Asn Ser Gln Arg Ile Ala
  1           5           10          15
Ala Val Glu Ser Cys Phe Gly Ala Ser Gly Gln Pro Leu Ala Leu Pro
      20           25           30
Gly Arg Val Leu Leu Gly Glu Gly Val Leu Thr Lys Glu Cys Arg Lys
      35           40           45
Lys Ala Lys Pro Arg Ile Leu Phe Leu Phe Asn Asp Ile Leu Val Tyr
      50           55           60
Gly Ser Ile Val Leu Asn Lys Arg Lys Tyr Arg Ser Gln His Ile Ile
      65           70           75           80
Pro Leu Glu Glu Val Thr Leu Glu Leu Leu Pro Glu Thr Leu Gln Ala
      85           90           95
Lys Asn Arg Trp Met Ile Lys Thr Ala Lys Lys Ser Phe Val Val Ser
      100          105          110
Ala Ala Ser Ala Thr Glu Arg Gln Glu Trp Ile Ser His Ile Glu Glu
      115          120          125
Cys Val Arg Arg Gln Leu Arg Ala Thr Gly Arg Pro Pro Ser Thr Glu
      130          135          140
His Ala Ala Pro Trp Ile Pro Asp Lys Ala Thr Asp Ile Cys Met Arg
      145          150          155          160
Cys Thr Gln Thr Arg Phe Ser Ala Leu Thr Arg Arg His His Cys Arg
      165          170          175
Lys Cys Gly Phe Val Val Cys Ala Glu Cys Ser Arg Gln Arg Phe Leu
      180          185          190
Leu Pro Arg Leu Ser Pro Lys Pro Val Arg Val Cys Ser Leu Cys Tyr

```

144/175

195	200	205
Arg Glu Leu Ala Ala Gln Gln Arg Gln Glu Glu Ala Glu Glu Gln Gly		
210	215	220
Ala Gly Ser Pro Gly Gln Pro Ala His Leu Ala Arg Pro Ile Cys Gly		
225	230	235
Ala Ser Ser Gly Asp Asp Asp Ser Asp Glu Asp Lys Glu Gly Ser		
245	250	255
Arg Asp Gly Asp Trp Pro Ser Ser Val Glu Phe Tyr Ala Ser Gly Val		
260	265	270
Ala Trp Ser Ala Phe His Ser		
275		

<210> 125

<211> 3078

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1668).. (2561)

<400> 125

```

atgataaaga tgcagtacct ttctcttaaa aaaaaatgct atggaaagct gtgagaattg 60
aagagacaaa ttggctgtgt cagtgtgggg ttatgtcatg atttctagaa gccctgaagt 120
tgctcttttg agcagctttg catgacacgc tctggtaaaa ggtgtgcato tttaaattat 180
ttcatggata ctttgaaaaa tattgtatca cttcaaatac agcaataagt ttatatgttc 240
tcaagatttc atttgttttt aagaatttta agttcgtgga ttaatatcac tacttgaata 300
ctgacagtgg ttgattagac accgaaaggt tactgattgt tgaatgtatc tgtgttagag 360
ctgtgcactg gcacgcttgc atcaggggct ggggccacac ggccgccaca cagattcccc 420
cgtgatgoot ggagctgott ccagagccgg gtgtctccaa gaggcacctg taggacttcc 480
catttagaaa tctcttgagt gggtttgtat gttacottct ccaaggttta tttaggacag 540
agatatgtgt ggaaggtcat gggctcagatt ccctcacaac ccactctgtc tgcgggtgca 600
gccccactcc aaggctcccc gttattgggg tatgtgagga gcagtaaata taaaaccagt 660
tcaactgtcc tcatggaatc accctttctg tttttgcagt attcataaag ctagtgttag 720
gtctgttttt agtctattaa atcttagaga totaaaggaa atgctcaaaa tgtagccagg 780
ttttaaatgc ttttaacttt aaaaaatgta aatttttgta tgtttatagc ttctaaatat 840
gaaagttaaa gaatgtactg tgatgaaatg ttcagtatta tttgtcttct cagtatcatg 900
ttgtcttcca gtattgtgtt gottctgatt ctatgaatgt tcattttaag acccttgtt 960
gaaatgggac agttggcagc ggctctgatg agcccgagaa gaggootgcc cttgggtgog 1020
gagtctccct ccgcacgatg ctcccacgog tccaacttgc acccaagggg ctttccctc 1080
ttccaagtgg actccttcaa ggaagctgca gotcggtcag cagagaaggg gctgcccgcc 1140
agcgccttgg aggaagagga agaggaacct aagaggatgg cttgtotccc agcagccaca 1200
ccggctttgt gctcagccag ttcatattgag ttgtcatgtt tctotgcact atggattttg 1260
agcatttaga tttctttaat caaaagcgtt ttagtgactc cagtagacat tttctttctg 1320
aggcatcgtg ctttgcatga gaggaggcca aggttgaggg gaaaagtaaa gttaaagtcg 1380
gttctcttcc atagcaacac gtattgtctg acattcagcc agcttttttt ttttctaata 1440
atttctgtgc ctttctgtcc cgtatttact gtatttagaa aaagcagcta gaatatttct 1500

```

145/175

```

ccattaaactc ttgagattca caggactgtc tagctctgag tcctagcaat agactcotta 1560
gaggagtagt acgtttatct agattttctc tagataatgc aggcggaaga cotgggttcc 1620
cgggtggggc attgcagttc ttctgtgtt tggcttccag gaattacatg aacgacagcc 1680
ttcgcacoga cgtcttcgtg cggttccagc cagagagcat cgcctgtgcc tgcatttata 1740
ttgtgcccgc gacgtggag atccctttgc ccaatcgtcc ccattggttt cttttgtttg 1800
gagcaactga agaagaaatt caggaaatct gcttaaagat cttgcagctt tatgotcgga 1860
aaaaggttga tctcacacac ctggagggtg aagtggaaaa aagaaagcac gctatogaag 1920
aggcaaaggc ccaagcccgc ggcctgttgc ctgggggcac acagggtctg gatgtaoct 1980
cgggtttcto tctgcccccc aagotggtgg aatcccccac agaaggtaaa gggagcaagc 2040
cttccccact gtctgtgaag aacaccaaga ggaggctgga gggcgccaag aaagccaagg 2100
cggacagccc cgtgaacggc ttgcccagg ggcgagagag tcggagtcgg agccggagcc 2160
gtgagcagag ctactcgagg tccccatccc gatcagcgtc tcctaagagg aggaaaagtg 2220
acagcggcto cacatctggt ggggtccaagt cgcagagccg ctcccgagc aggagtact 2280
ccccaccgag acaggcccc cgcagcgtc cctacaaagg ctctgagatt cggggtccc 2340
ggaagtccaa ggactgcaag tacccccaga agccacacaa gtctcgagc cggagttctt 2400
cccgttctcg aagcaggtca cgggagcggg cggataatcc gggaaaatac aagaagaaaa 2460
gtcattacta cagagatcag cgaagagagc gctcgaggtc gtatgaacgc acaggccgtc 2520
gotatgagcg ggaccaccct gggcacagca ggcatcggag gtgagcggg gttgcagtga 2580
ctggtggcgc caagcccttc cctggggagt acctgatggc tgcccttga ccccggtg 2640
ctgccccttg accccgggt gtgtctcag cgaagtgtt cctagaacag gattotttt 2700
ggaaatgtct gtcgactgga ccttggtgga tttggaaatg gaactgagg accggtgaca 2760
cgtgcttcag accggtctg ggtgcggcgc acacctgggc ccgtgcagg ctcagctcgg 2820
cagcagctct gagggcagct caatgaaaaa gtgaatgcac accccttgt tggcgtggcc 2880
tggcatggcc tgggtctata ggcagccgt ctcactccc cgaactgataa ttacgtgaag 2940
ccaagaaaga tgatttttag aacctttgcc tatattaggt tgaacttatg tacatatttt 3000
gcagtgttto acaggagaaa gtggccttaa ctgcccctta ttctctctcc aogttgtaaa 3060
taaacatgtg tttataac 3078

```

<210> 126

<211> 298

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 126

```

Met Asn Asp Ser Leu Arg Thr Asp Val Phe Val Arg Phe Gln Pro Glu
 1             5             10             15
Ser Ile Ala Cys Ala Cys Ile Tyr Leu Ala Ala Arg Thr Leu Glu Ile
      20             25             30
Pro Leu Pro Asn Arg Pro His Trp Phe Leu Leu Phe Gly Ala Thr Glu
      35             40             45
Glu Glu Ile Gln Glu Ile Cys Leu Lys Ile Leu Gln Leu Tyr Ala Arg
      50             55             60
Lys Lys Val Asp Leu Thr His Leu Glu Gly Glu Val Glu Lys Arg Lys
      65             70             75             80
His Ala Ile Glu Glu Ala Lys Ala Gln Ala Arg Gly Leu Leu Pro Gly
      85             90             95
Gly Thr Gln Val Leu Asp Gly Thr Ser Gly Phe Ser Pro Ala Pro Lys

```

[illegible]

<210> 127
 <211> 1844
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220> -----
<221> CDS -----
<222> (401)..(1456)

<400> 127

agagtcgggt	agacggcagc	gggagcggtg	ggtctcccc	gccttcctct	cctcccgggc	60
ctggggccc	agccggacag	gtgagcggca	gccaggtgag	cgcgccacc	tgcgcctctc	120
cgcggggccc	gccctccccg	gogcgggct	cctctccgcg	cccctgtcgg	cgcggaaccc	180
tggcctcgtc	cgcggcccag	ctccctggag	cctcgcacac	gcgggggcgc	ccccgcgagc	240
tgcgtctctc	ccggcgggag	cgctcctcct	ccagccccc	gcccgcaggg	tactttgcc	300
tggagcgaa	ggaggtcca	gaactggtag	agccggggca	tcgggctggg	cacctccccg	360
cggcgccgc	agcgcggagt	ccaotgaccg	gtcaaagggt	atggcgttga	cgggtgatgt	420
ggccggggcca	gcgccctggg	gottccgtat	cacagggggc	agggatttcc	acacgcccat	480
catggtgact	aaggtggccg	agcggggcaa	agccaaggac	gctgacctcc	ggcotggaga	540
cataatcgtg	gccatcaacg	gggaaagcgc	ggagggcatg	ctgcatgccg	aggcccagag	600
caagatccgc	cagagccct	cgcccttgcg	gctgcagctg	gaccggtctc	aggctaogtc	660

147/175

```

tccagggcag accaatgggg acagctcctt ggaagtgtg gcgactcgt tccagggctc 720
cgtgaggaca tacactgaga gtcagtcctc ctttaaggctc tcctactcca gcccaacctc 780
cctcagcccc agggccggca gccccttctc accaccacc tctagcagct cctcactgg 840
agaggoggcc atcagccgca gottccagag tctggcatgt tccccgggcc tccccgctgc 900
tgaccgcctg tcctactcag gccgccttg aagccgacag gccggcctcg gccgcgctgg 960
cgactcggcg gtgtgtgtgc tgcgccttc cccgggccct cgttcctcca ggcccagcat 1020
ggactcggaa gggggaagcc tcctcctgga cgaggactcg gaagtcttca agatgttga 1080
ggaaaatcgc gagggacggg cggccccccg acagtccagc tcctttcggc tcttgagga 1140
agccctggag gctgaggaga gaggtggcac gccagccttc ttgcccagct cactgagccc 1200
ccagtccctc ctgcccgcct ccagggccct ggccaccctt cccaagctcc acacttgtga 1260
gaagtgcagt accagcatcg ogaaccaggc tgtgcgcato caggagggcc ggtaccgcca 1320
ccccggctgc tacacctgtg ccgactgttg gctgaacctg aagatgcgag ggcacttctg 1380
ggtgggtgac gagctgtact gtgagaagca tgcccgccag cgctactccg cacctgccac 1440
cctcagctct cgggcctgag ccgcgcctgc cctcagcctg cctcactgtt gggccagggt 1500
catgcotata taagtiggca tggcagggac aatggtgggc agttgctott acatgagcta 1560
agtttgagga cctgaggccc ctttgtctc gctgggtggg ccaaggtctg ggacctgtot 1620
tggactgttg gagactcacc ctcaccttgc caggcctctc cctgcagga ctggcattgo 1680
actagtctga ggtggccact gcctttgatc aacctttgtg tgcgagggtc taagtagggt 1740
cgaacacaga agtggaagg agaggggtgg gccaggggct aatggtgtca ctgtgtaaag 1800
tttttgacat actagctcta taaatatatg aatatggaca aaat 1844

```

<210> 128

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 128

```

Met Ala Leu Thr Val Asp Val Ala Gly Pro Ala Pro Trp Gly Phe Arg
 1           5           10          15
Ile Thr Gly Gly Arg Asp Phe His Thr Pro Ile Met Val Thr Lys Val
      20          25          30
Ala Glu Arg Gly Lys Ala Lys Asp Ala Asp Leu Arg Pro Gly Asp Ile
      35          40          45
Ile Val Ala Ile Asn Gly Glu Ser Ala Glu Gly Met Leu His Ala Glu
      50          55          60
Ala Gln Ser Lys Ile Arg Gln Ser Pro Ser Pro Leu Arg Leu Gln Leu
      65          70          75          80
Asp Arg Ser Gln Ala Thr Ser Pro Gly Gln Thr Asn Gly Asp Ser Ser
      85          90          95
Leu Glu Val Leu Ala Thr Arg Phe Gln Gly Ser Val Arg Thr Tyr Thr
      100         105         110
Glu Ser Gln Ser Ser Leu Arg Ser Ser Tyr Ser Ser Pro Thr Ser Leu
      115         120         125
Ser Pro Arg Ala Gly Ser Pro Phe Ser Pro Pro Pro Ser Ser Ser Ser
      130         135         140
Leu Thr Gly Glu Ala Ala II Ser Arg Ser Phe Gln Ser Leu Ala Cys
      145         150         155         160

```

148/175

Ser Pro Gly Leu Pro Ala Ala Asp Arg Leu Ser Tyr Ser Gly Arg Pro
 165 170 175
 Gly Ser Arg Gln Ala Gly Leu Gly Arg Ala Gly Asp Ser Ala Val Leu
 180 185 190
 Val Leu Pro Pro Ser Pro Gly Pro Arg Ser Ser Arg Pro Ser Met Asp
 195 200 205
 Ser Glu Gly Gly Ser Leu Leu Asp Glu Asp Ser Glu Val Phe Lys
 210 215 220
 Met Leu Gln Glu Asn Arg Glu Gly Arg Ala Ala Pro Arg Gln Ser Ser
 225 230 235 240
 Ser Phe Arg Leu Leu Gln Glu Ala Leu Glu Ala Glu Glu Arg Gly Gly
 245 250 255
 Thr Pro Ala Phe Leu Pro Ser Ser Leu Ser Pro Gln Ser Ser Leu Pro
 260 265 270
 Ala Ser Arg Ala Leu Ala Thr Pro Lys Leu His Thr Cys Glu Lys
 275 280 285
 Cys Ser Thr Ser Ile Ala Asn Gln Ala Val Arg Ile Gln Glu Gly Arg
 290 295 300
 Tyr Arg His Pro Gly Cys Tyr Thr Cys Ala Asp Cys Gly Leu Asn Leu
 305 310 315 320
 Lys Met Arg Gly His Phe Trp Val Gly Asp Glu Leu Tyr Cys Glu Lys
 325 330 335
 His Ala Arg Gln Arg Tyr Ser Ala Pro Ala Thr Leu Ser Ser Arg Ala
 340 345 350

<210> 129

<211> 2356

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 129

atttacaatt gattaaaagt atccatgtct tggatacata cgtatctata gagctggcat 60
 gtaattcttc ctctataaag aataggtata ggaaagactg aataaaaatg gagggatato 120
 cccttggatt tcacttgcac tgtgcaataa gcaagaagg gttgataaaa gttcttgatc 180
 aaaaagttca aagaaaccag aattttagac agcaagctaa ataaatattg taaaatigca 240
 ctatattagg ttaagtatta tttaggtatt ataatatgct ttgtaaattt tatattocaa 300
 atattgctca atatttttca totattaaat taatttctag tgtaaataag tagottotat 360
 atctgtctta gtctattata attgtaagga gtaaaattaa atgaatagtc tgcaggatata 420
 aatttgaaca atgcatagat gatcgaaaat tacggaaaat catagggcag agagggtga 480
 agattcatca ttatgtgaaa ttggatctt tctcaaatcc ttgctgaaat ttaggatggt 540
 tctcactgtt tttctgtgct gatagtacc tttccaagg gaccttoagg gggattaacc 600
 ttcctagctc aagcaatgag ctaaaaggag ccttatgcat gatcttocca catatcaaaa 660
 taactaaaag goactgagtt tggcattttt ctgctgctc tgctaagacc tttttttttt 720
 tttactttca ttataacata ttatacatga cattatacaa aaatgattaa aatatattaa 780
 aacaacatca acaatccagg atatttttct ataaaacttt ttaaaaataa ttgtatctat 840
 atattcaatt ttacatcctt cttcaaaggc tttgttttct taaaggcttt gtttctctt 900
 ttattatttt tttctttttt atttttttga gacagtcttg ctctgtgct caggctggag 960

149/175

```

tgcaagtggca cgatctcage tcaactgcaac ctctctctcc caggttcaag tgattcttgt 1020
tcatcagcct cccgagtagc tgggactaca ggcattgtcc actatgccc gctaattttt 1080
gtacttttag tagagacagg gtttcaccac attggtcagg ctggtcttga aatgctggcg 1140
tcaagtgatc tgcctgcctc ogootcacia agcactggga ttacaggcat gaatctggcc 1200
ttacgtaata tttttcttta atggctgcat aatatcacat caaataggca tttttcaaac 1260
ctctttcctt attaaacatg tagactatat ccatttttta ctaaaataaa taacatttca 1320
gataatatct ttgcaactgat aatgttgcca agccattttt aaagtgcct tatcaattia 1380
attaccattg gatgagggtg ttgotttcat cgcaccattg taaattgtct tttttatttc 1440
aatttgcgtt tttttataac tggttgcaaa ggtacacaga acacacgctc cttcaactta 1500
totttgataa acccaagcaa ggatacaaaa agttggacga cattgagtag agtcatggta 1560
tacggtgctg accctacagt atcagtggaa aagataagga aaatgtcact actcacctat 1620
gttatgcaaa acagtttaggt gtgttggggc tggatactgc ttttttaact gagcatttgt 1680
tgattaaagt ttaggtacca tccaggctgg tctagagaag tctttggagt taaccatgct 1740
ctttttgtta aagaagagag taatgtgttt atcctggctc atagtccgtc accgaaaata 1800
gaaaatgcaa tccataggta aaatgtgtac ctatagaaaa aaatgaactc tacttttata 1860
gcctagtaaa aatgtctctac ctgagtagtt aaaagcaatt catgaagcct gaagctaaag 1920
agcactctgg tggttttggc ataataagct catttccaga cctgaccttt ggccccaacc 1980
acaagtgtc caagcccccac cagctgacca aagaaagccc aagttctcct tctgtccttc 2040
ccacaacctc cctgtctcca aaactatgaa attaatitga ccatattaac acagctgact 2100
cotccagttt acttaaggta gaaagaatga gtttacaaca gatgaaaata agtgctttgg 2160
gogaactgta ttctttttta cagatocaaa ctattttaca tttaaaaaaa aagttaaact 2220
aaacttcttt actgtctgata tgtttcctgt attctagaaa aatttttaca ctttcacatt 2280
atttttgtac actttcccca tgtaaggga tgatggcttt tataaatgtg tattcattaa 2340
atgttacttt aaaaat 2356

```

<210> 130

<211> 1731

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (72).. (1373)

<400> 130

```

ttagggcggg agcccggcga gggcgccggt gctttgttct gtctgaggcc aggaagtttg 60
accgcgctgc catgccgaac cgttaaggcc gccggaatgc ttactatttc ttcgtgcagg 120
agaagatccc cgaactacgg cgaagaggcc tgcctgtggc tcggttgcgt gatgccatcc 180
cttactgctc ctcagactgg gogcttctga gggaggaaga aaaggagaaa taocagaaaa 240
tggctcgaga atggagggcc gctcagggaa aggaccctgg gccctcagag aagcagaaac 300
ctgttttcac accactgagg aggccaggca tgcttgtacc aaagcagaat gtttcacctc 360
cagatatgtc agctttgtct ttaaaagggt atcaagctot ccttggaggo attttttatt 420
ttttgaacat ttttagccat ggogagctac ctctcattg tgaacagcgc ttctctcctt 480
gtgaaatttg ctgtgttaag tattctctcc aagaaggat tatggcagat ttccacagtt 540
ttataaatcc tgggtgaaatt ccacgaggat ttcgatttca ttgtcaggct gcaagtgatt 600
ctagtacaaa gattcctatt tcaaattttg aacgtgggca taaccaagca actgtgttac 660
aaaaccttta tagatttatt catcccaacc cagggaactg gccacctatc tactgcaagt 720

```


150/175

```

ctgatgatag aaccagagtc aactgggtgt tgaagcatat ggcaaaggca tcagaaatca 780
ggcaagatct acaacttctc actgtagagg accttgtagt ggggatctac caacaaaaat 840
ttctcaagga gccctotaag acttggatto gaagcctcct agatgtggcc atgtgggatt 900
attctagcaa cacaagggtc aagtggcatg aagaaaatga tattctcttc tgtgctttag 960
ctgtttgcaa gaagattgcg tactgcatca gtaattctct ggccactctc ttgggaatcc 1020
agctcacaga ggctcatgta ccaactacaag attatgagga cagcaatagt gtgacacca 1080
aaatgggtgt attggatgca gggcgttacc agaagctaag ggttgggagt tcaggattot 1140
ctcatttcaa ctcttcta at gaggaacaaa gatcaaacac acccatttgt gactacccat 1200
ctagggcaaa aatttctggc caaacagca gcgttcgggg aagaggaatt acccgcttac 1260
tagagagcat ttccaattct tccagcaata tccacaaatt ctccaactgt gacacttca 1320
tctcacotta catgtcccaa aaagatggat acaaatcttt ctcttcttta tottaattgat 1380
gggtactctt tcaatttctg aaaaacagtaa caggcccaac ttcttcttta ctacagtcat 1440
attaacaga tcacatcaat gacaaatgtc actactataa aaactactta atttgaagg 1500
aaattgtt atagatttaa aaaaattgtg gttggagagc atottggcat ttgtgcttt 1560
tttcttgagg gattgttctg ctctctggct gtatgatggg tatatcatta aagtttggag 1620
tcctatatga acaaaactga cattttttaga gttgtacttt tgggaatgtt atagattgat 1680
cattctttot cctgataata aaggtattga atatctgtta tgaagggttc t 1731

```

<210> 131

<211> 434

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 131

```

Met Pro Asn Arg Lys Ala Ser Arg Asn Ala Tyr Tyr Phe Phe Val Gln
 1           5           10           15
Glu Lys Ile Pro Glu Leu Arg Arg Arg Gly Leu Pro Val Ala Arg Val
 20           25           30
Ala Asp Ala Ile Pro Tyr Cys Ser Ser Asp Trp Ala Leu Leu Arg Glu
 35           40           45
Glu Glu Lys Glu Lys Tyr Ala Glu Met Ala Arg Glu Trp Arg Ala Ala
 50           55           60
Gln Gly Lys Asp Pro Gly Pro Ser Glu Lys Gln Lys Pro Val Phe Thr
 65           70           75           80
Pro Leu Arg Arg Pro Gly Met Leu Val Pro Lys Gln Asn Val Ser Pro
 85           90           95
Pro Asp Met Ser Ala Leu Ser Leu Lys Gly Asp Gln Ala Leu Leu Gly
100          105          110
Gly Ile Phe Tyr Phe Leu Asn Ile Phe Ser His Gly Glu Leu Pro Pro
115          120          125
His Cys Glu Gln Arg Phe Leu Pro Cys Glu Ile Gly Cys Val Lys Tyr
130          135          140
Ser Leu Gln Glu Gly Ile Met Ala Asp Phe His Ser Phe Ile Asn Pro
145          150          155          160
Gly Glu Ile Pro Arg Gly Phe Arg Phe His Cys Gln Ala Ala Ser Asp
165          170          175
Ser Ser His Lys Ile Pro Ile Ser Asn Phe Glu Arg Gly His Asn Gln

```

151/175

	180		185		190
Ala Thr Val	Leu Gln Asn Leu Tyr Arg Phe Ile His Pro Asn Pro Gly				
195		200		205	
Asn Trp Pro Pro Ile Tyr Cys Lys Ser Asp Asp Arg Thr Arg Val Asn					
210		215		220	
Trp Cys Leu Lys His Met Ala Lys Ala Ser Glu Ile Arg Gln Asp Leu					
225		230		235	240
Gln Leu Leu Thr Val Glu Asp Leu Val Val Gly Ile Tyr Gln Gln Lys					
	245		250		255
Phe Leu Lys Glu Pro Ser Lys Thr Trp Ile Arg Ser Leu Leu Asp Val					
260		265		270	
Ala Met Trp Asp Tyr Ser Ser Asn Thr Arg Cys Lys Trp His Glu Glu					
275		280		285	
Asn Asp Ile Leu Phe Cys Ala Leu Ala Val Cys Lys Lys Ile Ala Tyr					
290		295		300	
Cys Ile Ser Asn Ser Leu Ala Thr Leu Phe Gly Ile Gln Leu Thr Glu					
305		310		315	320
Ala His Val Pro Leu Gln Asp Tyr Glu Ala Ser Asn Ser Val Thr Pro					
	325		330		335
Lys Met Val Val Leu Asp Ala Gly Arg Tyr Gln Lys Leu Arg Val Gly					
	340		345		350
Ser Ser Gly Phe Ser His Phe Asn Ser Ser Asn Glu Glu Gln Arg Ser					
	355		360		365
Asn Thr Pro Ile Gly Asp Tyr Pro Ser Arg Ala Lys Ile Ser Gly Gln					
	370		375		380
Asn Ser Ser Val Arg Gly Arg Gly Ile Thr Arg Leu Leu Glu Ser Ile					
385		390		395	400
Ser Asn Ser Ser Ser Asn Ile His Lys Phe Ser Asn Cys Asp Thr Ser					
	405		410		415
Leu Ser Pro Tyr Met Ser Gln Lys Asp Gly Tyr Lys Ser Phe Ser Ser					
	420		425		430
Leu Ser					

<210> 132

<211> 1561

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (385).. (1281)

<400> 132

gaagaaaggc gagcagaaca gaggaagtat ggagtgttct ttgatgaoga ctatgactac 60
 ctgcagcacc tgaaggaacc atctgggcct tcagagotta ttccctcaag taccttcagt 120
 gcacacaaca ggagagagga gaaagaagaa acgctagtaa ttocaagoac tggaattaag 180

152/175

```

ttgccttcat cagtgtttgc ttcagagttt gaggaagatg ttggattggt aaataaagca 240
gtccagttt caggacctcg actggatttt gatcctgaca ttgttgacgc tcttgatgat 300
gattttgact ttgatgatcc agataatctg ottgaggatg actttattct tcaggccaat 360
aaggcaacag gagaggaaga gggaatggat atacagaaat ctgagaatga agatgacagc 420
gagtgggaag atgtggatga tgagaaggga gatagcaatg atgactatga ctctgcaggc 480
ctattgtcag atgaagactg tatgtctgtg ccoggaaaaa ctcacagagc tatagcagat 540
cacttgttct ggagtggagga aacaaagagt cgttcacgg agtattcgat gacttcctca 600
gtcatgagga gaaatgaaca gctgacctta catgatgaga ggtttgagaa gttttatgag 660
caatatgatg atgatgaaat tggagctctg gataatgcag aattggaagg ttctattcaa 720
gtggacagca atcgcttaca ggaagttttg aatgactact ataaagagaa ggcagagaat 780
tgtgtaaaat tgaataccct tgaacccttg gaggatcaag acctgccaat gaatgagctt 840
gatgagctcg aggaggaaga aatgattact gtagtccttg aagaagccaa agagaagtgg 900
gattgtgaat ctattttag tagataactca aatttatata acctccaca gcttatcaag 960
tatcaaccaa agcccaaaca aattcgaata tottctaaaa caggaatacc tctcaatgto 1020
ttaccaaaga aaggactcac agcaaagcaa actgaaagaa tacagatgat taatggcagt 1080
gatcttccta aagtatcaac tcagccacgt totaaaaatg aaagcaaaga agataaaaga 1140
gcaagaaaagc aagctataaa agaagagcgc aaggaacgaa gagtggagaa gaaagctaac 1200
aaattagcat ttaaactgga gaaaagaagg caagaaaaag agctgctgaa cttgaagaag 1260
aatgttgagg gtctaaagct atagacagtg gagcatacag ggcaaggcac tttattaggg 1320
gctcctcctc tttggttatt gactagaaac ttcagaaaga caaaactgtt tgccattttt 1380
actggcagat aagaggaaaa tacaatattt gtattatttt tatactagta agtgtccctt 1440
gcccaaccatc ttgtaaatat tgtaatactt taatttttaa tattataago ttacatttgc 1500
totgaagtaa atgacttcat gaatgtgaaa tgtttgataa attaaaggaa aatatottca 1560
t

```

<210> 133

<211> 299

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 133

```

Met Asp Ile Gln Lys Ser Glu Asn Glu Asp Asp Ser Glu Trp Glu Asp
 1          5          10          15
Val Asp Asp Glu Lys Gly Asp Ser Asn Asp Asp Tyr Asp Ser Ala Gly
 20          25          30
Leu Leu Ser Asp Glu Asp Cys Met Ser Val Pro Gly Lys Thr His Arg
 35          40          45
Ala Ile Ala Asp His Leu Phe Trp Ser Glu Glu Thr Lys Ser Arg Phe
 50          55          60
Thr Glu Tyr Ser Met Thr Ser Ser Val Met Arg Arg Asn Glu Gln Leu
 65          70          75          80
Thr Leu His Asp Glu Arg Phe Glu Lys Phe Tyr Glu Gln Tyr Asp Asp
 85          90          95
Asp Glu Ile Gly Ala Leu Asp Asn Ala Glu Leu Glu Gly Ser Ile Gln
100          105          110
Val Asp Ser Asn Arg Leu Gln Glu Val Leu Asn Asp Tyr Tyr Lys Glu
115          120          125

```

153/175

Lys Ala Glu Asn Cys Val Lys Leu Asn Thr Leu Glu Pro Leu Glu Asp
 130 135 140
 Gln Asp Leu Pro Met Asn Glu Leu Asp Glu Ser Glu Glu Glu Met
 145 150 155 160
 Ile Thr Val Val Leu Glu Glu Ala Lys Glu Lys Trp Asp Cys Glu Ser
 165 170 175
 Ile Cys Ser Thr Tyr Ser Asn Leu Tyr Asn His Pro Gln Leu Ile Lys
 180 185 190
 Tyr Gln Pro Lys Pro Lys Gln Ile Arg Ile Ser Ser Lys Thr Gly Ile
 195 200 205
 Pro Leu Asn Val Leu Pro Lys Lys Gly Leu Thr Ala Lys Gln Thr Glu
 210 215 220
 Arg Ile Gln Met Ile Asn Gly Ser Asp Leu Pro Lys Val Ser Thr Gln
 225 230 235 240
 Pro Arg Ser Lys Asn Glu Ser Lys Glu Asp Lys Arg Ala Arg Lys Gln
 245 250 255
 Ala Ile Lys Glu Glu Arg Lys Glu Arg Arg Val Glu Lys Lys Ala Asn
 260 265 270
 Lys Leu Ala Phe Lys Leu Glu Lys Arg Arg Gln Glu Lys Glu Leu Leu
 275 280 285
 Asn Leu Lys Lys Asn Val Glu Gly Leu Lys Leu
 290 295

<210> 134

<211> 2497

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (305).. (970)

<400> 134

tcccaatgct ggtcgggtact gggagacagt agagaggttg aagatcaatc agttctatgg 60
 cgccccaacg gctgtccggc tgtgtctgaa atacgggtgat gcotgggtga agaagtatga 120
 tcgtctctcc ctgcggaccc tggggtcagt gggagagccc atcaactgtg aggcctggga 180
 gtggcttcac aggttgggtg gggacagcag gtgcacgctg gtggacacct ggtggcagac 240
 agaaacaggt ggcattctga tcgcaccacg gccctcgga gaaggggagg aaatcctccc 300
 tgccatggcg atgaggccct tctttggcat cgtcccgctc ctcatggatg agaagggcag 360
 cgtcgtggag ggcagaaacg tctccggggc cctgtgcatc tcccaggcct ggccgggcat 420
 ggccaggacc atctatggcg accaccagcg atttgtggac gcctacttca aggcctaccc 480
 aggotattac ttcactggag acggggctta ccgaactgag ggoggctatt accagatcac 540
 agggoggatg gatgatgtca tcaacatcag tggccaccgg ctggggaccg cagagattga 600
 ggacggcacc gccgaccacc ctgcagtacc agaaagtgct gtcattggct acccccacga 660
 catcaaagga gaagctgcct ttgccttcat tgtggtgaaa gatagtgcgg gtgaotcaga 720
 tgtggtggtg caggagctca agtccatggg ggccaccaag atcgccaaat atgtgtgcc 780
 tgatgagatc ctggtggtga aacgtcttcc aaaaaccagg tctgggaagg tcatggggc 840

154/175

```

gtccttgagg aagatcatca ctagtgaggc ccaggagctg ggagacacta ccaccttga 900
ggaccccgag atcatcgag agatcctgag tgtctaccag aagtgcagg acaagcaggc 960
tgctgctaag tgagctggca ccttggtggg ctcttggtat gggcgggcac ccaagccctg 1020
gcttgctcct cccagaaggt acccctgagg ttggogtctt cctacgtccc agaagcagcc 1080
cccacccac acatgaccca caccgccctc acgtgaagct gggctgagag ccccttctcc 1140
catccattgg aggtcccagg agtgcacccc atggagaggc tatgcgacat ggctagggtc 1200
ggttctgcca tctgagtttg gtttcttgga atgaaaaggc attgccatct ccattcctct 1260
gcccctctga gccagcacag gaaggctgagg ccttgggata ggcgcctgc tcagataaca 1320
cagagctagt tagctagtag caaccgtgtt ttctccagat ctgtctagat aaaaaggtoa 1380
gaaatcttat tttatactt ttatatgtg gaagaacagc atgcaacact cacatgtagt 1440
gtgtggattt acttgaacat gttcttttta acatgtagt atgaaaatct ccttttttgc 1500
ctctactggt gaggaaacat gaggatcaga ggcacattt ttaattattg ttagtgtatt 1560
tggaagtctg aattggagat gttgtacct ctgtctaaac agttcccttg agaacttcca 1620
agcctccggc atcttttctt ggtgagtggt totcctgtgc ttggttgtgt ataattggagc 1680
taactcctaa ggggtggggg gaatgtggcc gccttagtto tgaagctact ccagttatgt 1740
tctgtttctt caagctgtga tccagaaaga ttttgtgcc ccagatgcc tcttgatagg 1800
agaggcaaca tactccaaat agttgggttc ttcagggaag ctattagaaa ctcaggtgac 1860
ttgttagagc actaacttgg tcagagccaa atcctggcaa acgtgcctg accttcactc 1920
tgtgttgagg gcagtggaga cactgaggt ccaatgatga gacttgagg tctggatcca 1980
gtctctcttt gttttaatgt gacttaggtg ctgtcaacat tagcaagata atggaaatoa 2040
cgacgccagt ggggtgcttac ctccctgcta ggcagtcagg ggctggcggg tggcagggga 2100
aggaggccca gtgagccggg tcccttaggg gaggagagt ttgtcctott tgccccacag 2160
tctaccottc agggccttgt ggcagtgcca gtgttcgggg ggtgtotggg ccactgagta 2220
cccactcggg cgtggttggt ctggcctctt ggggtagtg accgtgaag ccaggagggt 2280
ggtgttggtg gcagggtaca caaatactga gtggtgtgt tttgttacag gcttagcaac 2340
aaagtgtgc cctgggcatg gggggctgta gtgtagctac agttgtgctt ttgtgaaatg 2400
gcttagcttt ccattgtgt gagaggaacc tggacatggt cccgggcacg tgaatgatct 2460
gtaggggagg gatttcaaat aaagcttat tttgttc 2497

```

<210> 135

<211> 222

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 135

```

Met Ala Met Arg Pro Phe Phe Gly Ile Val Pro Val Leu Met Asp Glu
 1             5             10             15
Lys Gly Ser Val Val Glu Gly Ser Asn Val Ser Gly Ala Leu Cys Ile
 20            25            30
Ser Gln Ala Trp Pro Gly Met Ala Arg Thr Ile Tyr Gly Asp His Gln
 35            40            45
Arg Phe Val Asp Ala Tyr Phe Lys Ala Tyr Pro Gly Tyr Tyr Phe Thr
 50            55            60
Gly Asp Gly Ala Tyr Arg Thr Glu Gly Gly Tyr Tyr Gln Ile Thr Gly
 65            70            75            80
Arg Met Asp Asp Val Ile Asn Ile Ser Gly His Arg Leu Gly Thr Ala
 85            90            95

```

155/175

Glu Ile Glu Asp Ala Ile Ala Asp His Pro Ala Val Pro Glu Ser Ala
 100 105 110
 Val Ile Gly Tyr Pro His Asp Ile Lys Gly Glu Ala Ala Phe Ala Phe
 115 120 125
 Ile Val Val Lys Asp Ser Ala Gly Asp Ser Asp Val Val Val Gln Glu
 130 135 140
 Leu Lys Ser Met Val Ala Thr Lys Ile Ala Lys Tyr Ala Val Pro Asp
 145 150 155 160
 Glu Ile Leu Val Val Lys Arg Leu Pro Lys Thr Arg Ser Gly Lys Val
 165 170 175
 Met Arg Arg Leu Arg Lys Ile Ile Thr Ser Glu Ala Gln Glu Leu
 180 185 190
 Gly Asp Thr Thr Leu Glu Asp Pro Ser Ile Ile Ala Glu Ile Leu
 195 200 205
 Ser Val Tyr Gln Lys Cys Lys Asp Lys Gln Ala Ala Lys
 210 215 220

<210> 136

<211> 1972

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (666).. (1487)

<400> 136

tccaggcgca ggccgaggcc ttccgcgcgc agatctacgg gcccgagtgc accttcaagg 60
 ccagccacgg ctggttctgg ogctggcaga agcgccacgg catctccagc cagcgcttct 120
 acggcgaggc cgggccccca gcccggagcc ccgcgcccgg cccgcccgtc aaggaggagc 180
 ccgcgctgcc ctccggcgcc ggccccctgc ccgaccgcgc cccggccccg ccgcccccg 240
 ccgaggggcg ctacggggac gaggcagatt acagcgccag cgtcacccgg ctctactgga 300
 agctgcttcc ggagcaggct gcgcccccg gcgcagggga ccccgggggc ggagggtgtg 360
 gccggcgctg gcggggcgac cgcgtaacgg tgctgtggc cgcaaacctg accggcagcc 420
 acaagctgaa gccgctggtc atcggggcgc tgcgggaccc gcccagcctg cggccaccaca 480
 accaggacaa gttcccggcc tcctaccgct acagccccga cgcctggctc agccgcccgc 540
 tgtgcggggg ctggttcttt gaggaatttg tcccaggcgt caaacgctac ctgcgcgaa 600
 gctgcctgca gcagaaggcc gtgtgtgtgg tggccacccc gccctgcccga agcccagctg 660
 ccagtatgcc cggcctggac agcgaggatg ccccccgtgc gtgcaggccg gagcccctcg 720
 gtcccccgga ggagctgcag acaccggatg gcgctgtgcg ggtgtgttc ctgtccaaag 780
 gcagcagccg ggcaatata ccgcacccgc tggagcaggc cgtgggtggc gccttcaaac 840
 agctgtacaa gcgcgagctg ctggaatgg ctgtgtcctg gcgcagggc tccccgctgg 900
 gcttcatgag cagcttcatg ctcaaggaca tgcctacct ggctggcctc tctggggacc 960
 tgggtgcagg gggcagcatt gagcgtgct ggctgtgtgg cctgcgggct gccttcgagc 1020
 cccggcccg gaggacagct gctgggcagc cggcccaggc cgaggaagcc gccgagcaca 1080
 gcagggtgct cagcgacctc acccaacctg cggctctggc ctacaagtgc ctggctccgg 1140
 aggaggttgc ggagtggctg cacctggacg atgatggggg tcggcccgag ggctgcaggc 1200

156/175

```

aggaggtggg cccagccctg ccccttgcag cgcctccggc cccagccagt ctgccctctg 1260
ccattggggg cggagaggac gaggaggagg ccaccgacta tggagggacc tcagtgccga 1320
ctgccgggga ggcogtgagg gggctagaaa cagctctgcg gtggctggag aaccaggacc 1380
ccagagaggt gggggcaact aggttggtgc agttgcgctc actcatcagc atggcccggg 1440
ggctgggggg catcgggcat accccagcag gccctatga cgggtgtgtga ccaggccagc 1500
ccagtgcact ttctcctgct gcactiggag ggaggggaca tacacacagt ctcccacttc 1560
tcttcccttc cccctggggg ggcccaccgc atgggtacag ggggttccag gaatccaaat 1620
ccagcatggc ttggaggagc tctgttggtg agaggtcgcc ctgcctcact ggcaccctgg 1680
gggcacagct ggaagagagg cctggcccat gctcctctca gggcaggcac atgtacgggg 1740
catacaaggc acagcgcttg ttggaacagg tggctgtgtt cctgctctgg ccccgctgcg 1800
gctgggcctc cggccctgca ccagtcacat gcactggacg agggccgaaa ctctgtcttg 1860
ctatcgagcc ctggtgctat gtggcccgcg agccacagca caatcatctc agtggcgaag 1920
cacaccaact gattctattt ttttttaaca cattaaatct gtttttaaag at 1972

```

<210> 137

<211> 274

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 137

```

Met Pro Ala Leu Asp Ser Glu Asp Ala Pro Val Arg Cys Arg Pro Glu
 1           5           10           15
Pro Leu Gly Pro Pro Glu Glu Leu Gln Thr Pro Asp Gly Ala Val Arg
      20           25           30
Val Leu Phe Leu Ser Lys Gly Ser Arg Ala His Ile Pro Ala Pro
      35           40           45
Leu Glu Gln Gly Val Val Ala Phe Lys Gln Leu Tyr Lys Arg Glu
      50           55           60
Leu Leu Arg Leu Ala Val Ser Cys Ala Ser Gly Ser Pro Leu Gly Phe
      65           70           75           80
Met Arg Ser Phe Met Leu Lys Asp Met Leu Tyr Leu Ala Gly Leu Ser
      85           90           95
Trp Asp Leu Val Gln Ala Gly Ser Ile Glu Arg Cys Trp Leu Leu Gly
      100          105          110
Leu Arg Ala Ala Phe Glu Pro Arg Pro Gly Glu Asp Ser Ala Gly Gln
      115          120          125
Pro Ala Gln Ala Glu Glu Ala Ala Glu His Ser Arg Val Leu Ser Asp
      130          135          140
Leu Thr His Leu Ala Ala Leu Ala Tyr Lys Cys Leu Ala Pro Glu Glu
      145          150          155          160
Val Ala Glu Trp Leu His Leu Asp Asp Asp Gly Gly Pro Pro Glu Gly
      165          170          175
Cys Arg Glu Glu Val Gly Pro Ala Leu Pro Pro Ala Ala Pro Pro Ala
      180          185          190
Pro Ala Ser Leu Pro Ser Ala Ile Gly Gly Gly Glu Asp Glu Glu Glu
      195          200          205
Ala Thr Asp Tyr Gly Gly Thr Ser Val Pro Thr Ala Gly Glu Ala Val

```

157/175

210	215	220
Arg Gly Leu Glu Thr	Ala Leu Arg Trp Leu Glu Asn Gln Asp Pro Arg	
225	230	235
Glu Val Gly Pro Leu Arg Leu Val	Gln Leu Arg Ser Leu Ile Ser Met	240
245	250	255
Ala Arg Arg Leu Gly Gly Ile Gly His Thr Pro Ala Gly Pro Tyr Asp		
260	265	270
Gly Val		

<210> 138
 <211> 3677
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (996).. (3437)

<400> 138

```

attacaggcg gatcccatgg ggccggaggc ctgcaccacc gogagatgtg gccattttac 60
aagaaagggc taataagttg gtgaaatacc tgttggttaa ggaccagaca aagatcccca 120
tcaaacgctc agacatgctg agggatgtoa tccgagaata tgatgaatat ttcccagaaa 180
tcattgaacg agcaagctac actctggaga agatgtttcg agtcaatctg aaagaaattg 240
ataagctaag tagcttgat attctcatca gcaactcagga atcctctgca ggcatactgg 300
gaacgaccaa ggacacaccc aagctgggtc tctcatgggt gattctgagt gtcattttta 360
tgaatggcaa caaggccggt gaggctgtoa tctgggaggt gctgogcaag ttggggctgc 420
gccctgggta tgactgggct ctctcagcgc ttgctgtccg tgttgctcct tggcaagaga 480
ggatgggtcct aggttgcat cagtctgggt gtcctgggtg gcgggtgggg tgctggactg 540
ggtagagggc ccagggttct gacotgggtg gatgaogggc aaatggctct gaactctctg 600
ctgtctctct ccttaatgtc ctctgtctgt tctaagctga gatgttagat agaccttcag 660
ggatccctga caaagaggca tctggtctta actgcttgct tctagtggcc atgtgctcat 720
tactttcttc acttcattga gactgcccc a tgtgctagag aggtttcttc catgttgga 780
aatgcctctg ccttcactg ggcagttctg atctgtgttc atgggttatt tttccattg 840
tcagggtgag gcattcactc tttggggaag tgaggaagct catcacagac gagtttgta 900
agcagaagta cctggagtac aagagggtcc ctaacagcag accacctgaa tatgattcc 960
tctggggctt gcgtcctac cagcagacta gcaagatgaa agtcctcaag tttgatgca 1020
gggtgcagaa gaaagacccc aaggactggg ctgtgcagta ccgcgaggca gtggagatgg 1080
aagtccaagc tgcagctgtg gctgtggctg aggcgtgaagc cagggtgag gcaagagccc 1140
aaatggggat tggagaggaa gctgtggctg ggccctggaa ttgggatgac atggatatcg 1200
actgcctaac aaggggaagag ttaggcgatg atgctcaggc ctggagoaga ttttoatttg 1260
aaattgaggc cagagcccaa gaaaatgcag atgccagcac caacgtcaac ttcagcagag 1320
gagctagtag cagggtggc ttcagcgatg gtgctagtag tagcttcaat ggtgcacca 1380
gctccagtgg tggcttoagt ggtggacctg gcattacctt tgggtgtgca cccagcacca 1440
gtgccagott cagcaataca gccagcatta gctttgggtg tacaactgagc actagctcca 1500
gcttcagcag cgcagccagc attagctttg gttgtgcaca cagcaccagc actagtttca 1560
gcagtgaagc cagcattagc tttggtggca tgccttgtag cagtgcagc tttagtgtg 1620

```


158/175

```

gagtcagctc tagttttagt ggcccactca gcaccagtgc cactttcagt ggtggagcca 1680
gctctggcct tggaggcaca ctcagcacca cggctggcct tagtgggtga ctcagcaacta 1740
gcaccagcct tggcagtgoa cccacaacga gcacagtctt cagtagtgcg cttagcacca 1800
gcactggcct tggaggcata ctcagcacca gtgtctgttt tggtagctct cccagctcca 1860
gtggtagcct tggtaggtaca ctcagtacca gtatctgctt cggtagctct ccttgcacca 1920
gcactggcct tggaggcaca cttagcacca gtgtctcctt tggtagctct tccagcacca 1980
gtgccaattt tggtaggtaca ctaagtacca gcatctgctt tgatggctct cccagcactg 2040
gtgttggtct tggtaggtgt ctcaacacca gtgccagctt tggcagtgtg ctcaacacca 2100
gtactggctt tggtaggtgt atgagcacca gtgtgactt tggoggtaca ctaagcacca 2160
gtgtctgctt tggtagctct cctggcacca gtgtcagctt tggcagtgtg ctcaacacca 2220
atgttggtta tggtagtgct gtcagcacca aactgactt tggtaggtaca ctaagcacca 2280
ggtctgtttt tggtagctct cccagcacca gtgttggtt tggtaggtgtg ctcaacacca 2340
atgccagcct tggctgtgct gtcagcacca gtgccagctt cagtgggtgt gtcagcacca 2400
gtgttggtct cagtgggtgt ccaatcacca accctggctt tggoggtgtg tttagcacca 2460
gtgttggtct cggtaggggt cttagtacog ttgtgactt cggtaggtact cccagcaaca 2520
gcattggcct tggtagctgt cccagcacca gtgtcggctt tggtaggtgt catggcacca 2580
gcctctgttt tggtaggagct cccagcacca gcctctgctt tggcagtgtg tctaatacta 2640
acctatgctt tggtagccct cctagcacca gtgcctgctt tagtgggtgt accagcccta 2700
gtttttgtga tggaccocagc accagtacog gtttcagctt tggcaatggg ttaagcacca 2760
atgttggtat tggtaggtgt ctgaacacca gtgttggtct tggtaggtgt ctaggcacca 2820
gtgttggtct cagtgggtgt ctaagcaca gttctggctt tgatgggtgt ctaggtacca 2880
gogctggcct cggtaggagga ccaggcacca gcactggtt tggtaggtgt ctaggcacca 2940
gtgttggtct cagtggcgga ctgggcacca gtgttggtct tggtaggtgt ctaggtacca 3000
gtgatggctt tggtaggtgt ctgggcacca atgtatgtt cggcagcaca cttggcacca 3060
gtgttggtct tagtgggtgt ctcagcacca gcgatggctt tggcagtgtg cctaattgca 3120
gcttcgacag aggactgagt accatcattg gotttggcag tggttccaac accagcactg 3180
gctttactgg cgaaccocagc accagcacgg gottcagtag tggaccaggt tctattgttg 3240
gcttcagcgg tggaccaagc actgggtgtt gottctgcag tggaccaagc accagtggct 3300
tcagcgggtg accgagcaca ggagotggct toggcgggtg accaaacact ggtgtctggt 3360
ttggtggtg accgagcacc agtgtgtgtt ttggcagtgt agccgcoagt cttggtgoot 3420
gtggcttctc gtatggctag tgaggtttca gatttattcc ccatgtttac agataccgct 3480
aataaattgc agtagtctt cccatggagc caaagtacat ccttgaatc tttgtccaca 3540
cagcagtcac ggcatgtat gccaatcagc tgaggtgtgt atgtgatgga aaaatctgtt 3600
tgctgttcct gctttattgt ttgctttctg tgtgtgtca ttttttggtg tcagagttac 3660
ataaatttg caaaatg 3677

```

<210> 139

<211> 814

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 139

```

Met Lys Val Leu Lys Phe Ala Cys Arg Val Gln Lys Lys Asp Pro Lys
  1             5             10             15
Asp Trp Ala Val Gln Tyr Arg Glu Ala Val Glu Met Glu Val Gln Ala
          20             25             30
Ala Ala Val Ala Val Ala Glu Ala Glu Ala Arg Ala Glu Ala Arg Ala

```

159/175

35	40	45
Gln Met Gly Ile Gly Glu Glu Ala Val Ala Gly Pro Trp Asn Trp Asp		
50	55	60
Asp Met Asp Ile Asp Cys Leu Thr Arg Glu Glu Leu Gly Asp Asp Ala		
65	70	75
Gln Ala Trp Ser Arg Phe Ser Phe Glu Ile Glu Ala Arg Ala Gln Glu		
85	90	95
Asn Ala Asp Ala Ser Thr Asn Val Asn Phe Ser Arg Gly Ala Ser Thr		
100	105	110
Arg Ala Gly Phe Ser Asp Gly Ala Ser Ile Ser Phe Asn Gly Ala Pro		
115	120	125
Ser Ser Ser Gly Gly Phe Ser Gly Gly Pro Gly Ile Thr Phe Gly Val		
130	135	140
Ala Pro Ser Thr Ser Ala Ser Phe Ser Asn Thr Ala Ser Ile Ser Phe		
145	150	155
Gly Gly Thr Leu Ser Thr Ser Ser Ser Phe Ser Ser Ala Ala Ser Ile		
165	170	175
Ser Phe Gly Cys Ala His Ser Thr Ser Thr Ser Phe Ser Ser Glu Ala		
180	185	190
Ser Ile Ser Phe Gly Gly Met Pro Cys Thr Ser Ala Ser Phe Ser Gly		
195	200	205
Gly Val Ser Ser Ser Phe Ser Gly Pro Leu Ser Thr Ser Ala Thr Phe		
210	215	220
Ser Gly Gly Ala Ser Ser Gly Phe Gly Gly Thr Leu Ser Thr Thr Ala		
225	230	235
Gly Phe Ser Gly Val Leu Ser Thr Ser Thr Ser Phe Gly Ser Ala Pro		
245	250	255
Thr Thr Ser Thr Val Phe Ser Ser Ala Leu Ser Thr Ser Thr Gly Phe		
260	265	270
Gly Gly Ile Leu Ser Thr Ser Val Cys Phe Gly Gly Ser Pro Ser Ser		
275	280	285
Ser Gly Ser Phe Gly Gly Thr Leu Ser Thr Ser Ile Cys Phe Gly Gly		
290	295	300
Ser Pro Cys Thr Ser Thr Gly Phe Gly Gly Thr Leu Ser Thr Ser Val		
305	310	315
Ser Phe Gly Gly Ser Ser Ser Thr Ser Ala Asn Phe Gly Gly Thr Leu		
325	330	335
Ser Thr Ser Ile Cys Phe Asp Gly Ser Pro Ser Thr Gly Ala Gly Phe		
340	345	350
Gly Gly Ala Leu Asn Thr Ser Ala Ser Phe Gly Ser Val Leu Asn Thr		
355	360	365
Ser Thr Gly Phe Gly Gly Ala Met Ser Thr Ser Ala Asp Phe Gly Gly		
370	375	380
Thr Leu Ser Thr Ser Val Cys Phe Gly Gly Ser Pro Gly Thr Ser Val		
385	390	395
Ser Phe Gly Ser Ala Leu Asn Thr Asn Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Val		
405	410	415
Ser Thr Asn Thr Asp Phe Gly Gly Thr Leu Ser Thr Ser Val Cys Phe		

160/175

420 425 430
 Gly Gly Ser Pro Ser Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Ala Leu Asn Thr
 435 440 445
 Asn Ala Ser Phe Gly Cys Ala Val Ser Thr Ser Ala Ser Phe Ser Gly
 450 455 460
 Ala Val Ser Thr Ser Ala Cys Phe Ser Gly Ala Pro Ile Thr Asn Pro
 465 470 475 480
 Gly Phe Gly Gly Ala Phe Ser Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Ala Leu
 485 490 495
 Ser Thr Val Ala Asp Phe Gly Gly Thr Pro Ser Asn Ser Ile Gly Phe
 500 505 510
 Gly Ala Ala Pro Ser Thr Ser Val Gly Phe Gly Gly Ala His Gly Thr
 515 520 525
 Ser Leu Cys Phe Gly Gly Ala Pro Ser Thr Ser Leu Cys Phe Gly Ser
 530 535 540
 Ala Ser Asn Thr Asn Leu Cys Phe Gly Gly Pro Pro Ser Thr Ser Ala
 545 550 555 560
 Cys Phe Ser Gly Ala Thr Ser Pro Ser Phe Cys Asp Gly Pro Ser Thr
 565 570 575
 Ser Thr Gly Phe Ser Phe Gly Asn Gly Leu Ser Thr Asn Ala Gly Phe
 580 585 590
 Gly Gly Gly Leu Asn Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Gly Leu Gly Thr
 595 600 605
 Ser Ala Gly Phe Ser Gly Gly Leu Ser Thr Ser Ser Gly Phe Asp Gly
 610 615 620
 Gly Leu Gly Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Gly Pro Gly Thr Ser Thr
 625 630 635 640
 Gly Phe Gly Gly Gly Leu Gly Thr Ser Ala Gly Phe Ser Gly Gly Leu
 645 650 655
 Gly Thr Ser Ala Gly Phe Gly Gly Gly Leu Val Thr Ser Asp Gly Phe
 660 665 670
 Gly Gly Gly Leu Gly Thr Asn Ala Ser Phe Gly Ser Thr Leu Gly Thr
 675 680 685
 Ser Ala Gly Phe Ser Gly Gly Leu Ser Thr Ser Asp Gly Phe Gly Ser
 690 695 700
 Arg Pro Asn Ala Ser Phe Asp Arg Gly Leu Ser Thr Ile Ile Gly Phe
 705 710 715 720
 Gly Ser Gly Ser Asn Thr Ser Thr Gly Phe Thr Gly Glu Pro Ser Thr
 725 730 735
 Ser Thr Gly Phe Ser Ser Gly Pro Ser Ser Ile Val Gly Phe Ser Gly
 740 745 750
 Gly Pro Ser Thr Gly Val Gly Phe Cys Ser Gly Pro Ser Thr Ser Gly
 755 760 765
 Phe Ser Gly Gly Pro Ser Thr Gly Ala Gly Phe Gly Gly Gly Pro Asn
 770 775 780
 Thr Gly Ala Gly Phe Gly Gly Gly Pro Ser Thr Ser Ala Gly Phe Gly
 785 790 795 800
 Ser Gly Ala Ala Ser Leu Gly Ala Cys Gly Phe Ser Tyr Gly

161/175

805

810

<210> 140
 <211> 5097
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (72).. (1910)

<400> 140

```

ctagctatgg aattactgct ttcaatcatc cctgaatct caccaagcag cagctctcag 60
agggtggctct gatgaaccaca tcagtggatg tccttgtgtc catctgtgtc atctttgcaa 120
tgtccttcgt ccagaccagc ttgttgtat tcctgatcca ggagcgggtc agcaaagcaa 180
aacacctgca gttcttcagt ggagtgaagc ctgtcatcta ctggctctct aattttgtct 240
gggatatgtg caattacgtt gtccctgcca cactggtcac tatcatcttc atctgcttcc 300
agcagaagtc ctatgtgtcc tccaccaatc tgctgtgtc agcccttcta cttttgctgt 360
atgggtggtc aatcacacct ctcatgtacc cagctctctt tgtgttcaag atccccagca 420
cagcctatgt ggtgtccacc agcgtgaacc tcttcattgg cattaatggc agcgtggcca 480
cctttgtgtc ggagctgttc accgacaata agctgaataa tatcaatgat atcctgaagt 540
ccgtgttctt gatcttccca ctttttgcc tgggacgagg gctcatcgac atggtgaaaa 600
accaggcaat ggtgatgcc ctggaaaggt ttggggagaa tcgctttgtg tcaccattat 660
cttgggactt ggtgggacga aacctcttcg ccatggccgt ggaaggggtg gtgttcttcc 720
tcattactgt totgatccag tacagattct tcacaggcc cagacctgta aatgcaaagc 780
tatctcctct gaatgatgaa gatgaagatg tgaggcggga aagacagaga attcttgatg 840
gtggaggcca gaatgacatc ttagaaatca aggagttgac gaagatatat agaaggaagc 900
ggaagcctgc tgttgacagg atttgctggt gcattcctcc tgggtgagtg tttgggctcc 960
tgggagttaa tggggctgga aaatcatcaa ctttcaagat gttaacagga gataccactg 1020
ttaccagagg agatgctttc cttaacaaaa atagtatctt atcaaacatc catgaagtac 1080
atcagaacat gggctactgc cctcagtttg atgccatcac agagctgttg actgggagag 1140
aacacgtgga gttctttgcc cttttgagag gattcccaga gaaagaagtt ggcaaggttg 1200
gtgagtgggc gattcggaaa ctgggcctcg tgaagtatgg agaaaaatat gctggttaact 1260
atagtggagg caacaaacgc aagctctcta cagccatggc tttgatcggc gggcctcctg 1320
tgggtgttct ggatgaacc accacaggca tggatcccaa agcccgogg ttcttgtgga 1380
attgtgccct aagtgttgc aaggaggga gatcagtagt gcttacatct catagtatgg 1440
aagaatgtga agctctttgc actaggatgg caatcatgtt caatggaagg ttcagggtgcc 1500
ttggcagtg ccagcatcta aaaaataggt ttggagatgg ttatacaata gttgtacgaa 1560
tagcagggtc caaccggac ctgaagcctg tccaggattt ctttggactt gcatttcctg 1620
gaagtgttct aaaagagaaa caccggaaca tgctacaata ccagcttcca tcttcattat 1680
cttctctggc caggatatto agcatcctct ccagagcaa aaagcagctc cacatagaag 1740
actactctgt ttctcagaca acacttgacc aagtatttgt gaactttgcc aaggaccaa 1800
gtgatgatga ccacttaaaa gacctctcat tacacaaaaa ccagacagta gtggacgttg 1860
cagttctcac atcttttcta caggatgaga aagtgaaga aagctatgta tgaagaatcc 1920
cgttcatacg ggttggctga aagtaaagag gaactagaat ttcctttgca ccatgtgaag 1980
tgttgggag aaaagagcca gaagttgatg tgggaagaag taaactggat actgtactga 2040
taotattcaa tgcaatgcaa ttcaatgoaa tgaaaacgaa attccattac aggggcagtg 2100

```

cctttgtagc ctatgtcttg tatggctctc aagtgaaga cttgaattta gttttttacc 2160
tataacctatg tgaactota ttatggaacc caatggacat atgggtttga actcacactt 2220
ttttttttgt tcctgtgtat tctcattggg gttgcaacaa taattcatca agtaatcatg 2280
gccagcgatt attgatcaaa atcaaaagggt aatgcacatc ctcatcactt aagccatgcc 2340
atgcccagga gactggtttc ccggtgacac atccattgct ggcaatgagt gtgccagaat 2400
tattagtgc aagtttttca gaaagtttga agcaccatgg tgtgtcatgc tcacttttgt 2460
gaaagctgct ctgctcagag tctatcaaca ttgaatatca gttgacagaa tgggtccatg 2520
cgtggctaac atcctgcttt gattccctct gataagctgt tctggtggca gtaacatgca 2580
acaaaaatgt ggggtctctt aggcacggga aacttggttc cattgttata ttgtcctatg 2640
cttcgagcca tgggtctaca gggctaccc tttatgactc ttaaataaac ttagatcctg 2700
gtaagaggca aagaatcaac agccaaactg ctggggctgc aagctgctga agccagggca 2760
tggtattaaa gagattgtgc gttcaaacct aggggaagcct gtgcccattt gtcctgactg 2820
tctgctaaca tggtagactg catctcaaga tgtttatctg acacaagtgt attatttttg 2880
gctttttgaa ttaactotaga aaatgaaaag atggagttgt attttgacaa aaatgtttgt 2940
actttttaat gttatttggg attttaagtt ctatcagtga cttctgaatc cttagaatgg 3000
cctcttttga gaacctgtg gtatagagga gtatggccac tgccccacta tttttatttt 3060
cttatgtaa gttgcatatc agtcatgact agtgccctaga aagcaatgtg atggtcagga 3120
tctcatgaca ttatatttga gtttctttca gatcatttag gatactotta atctcacttc 3180
atcaatcaaa tattttttga gtgtatgctg tagctgaaag agtatgtacg tacgtataag 3240
actagagaga tattaagtct cagtacactt cctgtgccat gtttttcagc tcaotggttt 3300
acaaatatag gttgtcttgt ggtttagga gccactgtg acaatatigg gcagcccttt 3360
ttttttttt ttaattgcaa caatgcaaaa gccaaagaaag tataagggtc acaagtcaaa 3420
caatgaattc ttcaacaggg aaaacagcta gcttgaanaa ttgctgaaaa acacaacttg 3480
tgtttatggc atttagtacc ttcaataaat tggcctttga gatattggat accccattaa 3540
atctgacagt ctcaaatctt tcatctcttc aatcactagt caagaaaaat ataaaaacaa 3600
caaatacttc catatggagc atttttcaga gttttctaac ccagtottat tttctagtc 3660
agtaaacatt tgtaaaaaa ctgtttcact aatacttact gtttaactgtc ttgagagaaa 3720
agaaaaatat gagagaacta ttgtttgggg aagttcaagt gatctttcaa tatcattact 3780
aacttcttc aotttttcca aaatttgaat attaacgcta aaggtgtaag acttcagatt 3840
tcaaatat ctctctatat tttttaaat tacagaatat tatataacc actgctgaaa 3900
aagaaaaaaa tgattgtttt agaagttaa gtcaatatg attttaata taagtaatga 3960
aggcatattt ccaataacta gtgatattgg atcgttgcat tttacagtat cttcaaaaaat 4020
acagaattta tagaataatt tctcctcatt taatattttt caaaatcaaa gttatggttt 4080
cctcatttta ctaaaatcgt attotaatto ttcattatag taaatctatg agcaactcct 4140
tacttcggtt cctctgattt caaggccata ttttaaaaaa tcaaaaggca ctgtgaacta 4200
ttttgaagaa aacacgacat ttaataacag attgaaagga cctctctga agctagaaac 4260
aatctatagt tatacatctt catataact gtgttacctt ttaaaatagt aattttttac 4320
attttcctgt gtaaacctaa ttgtggtaga aatttttacc aactotatac tcaatcaagc 4380
aaaatttctg tatattccct gtggaatgta cctatgtgag tttcagaaat tctcaaaaata 4440
cgtgttcaaa aatttctgct tttgcatctt tgggacacct cagaaaactt attaacaact 4500
gtgaatatga gaaatacaga agaaaataat aagccctcta tacataaatg cccagcacia 4560
ttcattgtta aaaaacaacc aaacctcaca ctactgtatt tcattatctg taotgaaagc 4620
aatgotttg tgactattaa atgttgaca tcattcattc actgtatagt aatcattgac 4680
taaagccatt tatctgtgtt ttcttcttgt gttgtatat atcaggtaaa atattttcca 4740
aagagccatg tgcattgaa tactgaacca cttgatatt gagacattaa tttgtacct 4800
tgttattatc tactagtaat aatgtaatac ttagaanaa ttgctctaatt tttttcaaa 4860
attgttgcac ccccttaga atgtttctat ttccataagg atttaggtat gctattatcc 4920
cttcttatac cctaagatga agctgttttt gtgtctttt ttcattcatt gccctcattc 4980

163/175

caagcacttt acgctgtctg taacgggatac tatttttgca ctggaatatac tgagaattgc 5040
 aaaactagac aaaagtttca caacagattt ctaagttaaa tcattatcat taaaagg 5097

<210> 141

<211> 613

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 141

Met	Thr	Thr	Ser	Val	Asp	Val	Leu	Val	Ser	Ile	Cys	Val	Ile	Phe	Ala
1				5					10					15	
Met	Ser	Phe	Val	Pro	Ala	Ser	Phe	Val	Val	Phe	Leu	Ile	Gln	Glu	Arg
			20					25					30		
Val	Ser	Lys	Ala	Lys	His	Leu	Gln	Phe	Phe	Ser	Gly	Val	Lys	Pro	Val
		35				40						45			
Ile	Tyr	Trp	Leu	Ser	Asn	Phe	Val	Trp	Asp	Met	Cys	Asn	Tyr	Val	Val
	50				55					60					
Pro	Ala	Thr	Leu	Val	Ile	Ile	Ile	Phe	Ile	Cys	Phe	Gln	Gln	Lys	Ser
65					70				75					80	
Tyr	Val	Ser	Ser	Thr	Asn	Leu	Pro	Val	Leu	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Leu
			85					90						95	
Tyr	Gly	Trp	Ser	Ile	Thr	Pro	Leu	Met	Tyr	Pro	Ala	Ser	Phe	Val	Phe
			100					105					110		
Lys	Ile	Pro	Ser	Thr	Ala	Tyr	Val	Val	Leu	Thr	Ser	Val	Asn	Leu	Phe
		115					120					125			
Ile	Gly	Ile	Asn	Gly	Ser	Val	Ala	Thr	Phe	Val	Leu	Glu	Leu	Phe	Thr
	130					135					140				
Asp	Asn	Lys	Leu	Asn	Asn	Ile	Asn	Asp	Ile	Leu	Lys	Ser	Val	Phe	Leu
145					150				155					160	
Ile	Phe	Pro	His	Phe	Cys	Leu	Gly	Arg	Gly	Leu	Ile	Asp	Met	Val	Lys
			165					170					175		
Asn	Gln	Ala	Met	Ala	Asp	Ala	Leu	Glu	Arg	Phe	Gly	Glu	Asn	Arg	Phe
			180					185					190		
Val	Ser	Pro	Leu	Ser	Trp	Asp	Leu	Val	Gly	Arg	Asn	Leu	Phe	Ala	Met
		195					200					205			
Ala	Val	Glu	Gly	Val	Val	Phe	Phe	Leu	Ile	Thr	Val	Leu	Ile	Gln	Tyr
	210					215					220				
Arg	Phe	Phe	Ile	Arg	Pro	Arg	Pro	Val	Asn	Ala	Lys	Leu	Ser	Pro	Leu
225				230				235						240	
Asn	Asp	Glu	Asp	Glu	Asp	Val	Arg	Arg	Glu	Arg	Gln	Arg	Ile	Leu	Asp
			245					250					255		
Gly	Gly	Gly	Gln	Asn	Asp	Ile	Leu	Glu	Ile	Lys	Glu	Leu	Thr	Lys	Ile
			260				265					270			
Tyr	Arg	Arg	Lys	Arg	Lys	Pro	Ala	Val	Asp	Arg	Ile	Cys	Val	Gly	Ile
	275					280						285			
Pro	Pro	Gly	Glu	Cys	Phe	Gly	Leu	Leu	Gly	Val	Asn	Gly	Ala	Gly	Lys
	290					295						300			

164/175

Ser Ser Thr Phe Lys Met Leu Thr Gly Asp Thr Thr Val Thr Arg Gly
 305 310 315 320
 Asp Ala Phe Leu Asn Lys Asn Ser Ile Leu Ser Asn Ile His Glu Val
 325 330 335
 His Gln Asn Met Gly Tyr Cys Pro Gln Phe Asp Ala Ile Thr Glu Leu
 340 345 350
 Leu Thr Gly Arg Glu His Val Glu Phe Phe Ala Leu Leu Arg Gly Val
 355 360 365
 Pro Glu Lys Glu Val Gly Lys Val Gly Glu Trp Ala Ile Arg Lys Leu
 370 375 380
 Gly Leu Val Lys Tyr Gly Glu Lys Tyr Ala Gly Asn Tyr Ser Gly Gly
 385 390 395 400
 Asn Lys Arg Lys Leu Ser Thr Ala Met Ala Leu Ile Gly Gly Pro Pro
 405 410 415
 Val Val Phe Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Met Asp Pro Lys Ala Arg
 420 425 430
 Arg Phe Leu Trp Asn Cys Ala Leu Ser Val Val Lys Glu Gly Arg Ser
 435 440 445
 Val Val Leu Thr Ser His Ser Met Glu Glu Cys Glu Ala Leu Cys Thr
 450 455 460
 Arg Met Ala Ile Met Val Asn Gly Arg Phe Arg Cys Leu Gly Ser Val
 465 470 475 480
 Gln His Leu Lys Asn Arg Phe Gly Asp Gly Tyr Thr Ile Val Val Arg
 485 490 495
 Ile Ala Gly Ser Asn Pro Asp Leu Lys Pro Val Gln Asp Phe Phe Gly
 500 505 510
 Leu Ala Phe Pro Gly Ser Val Leu Lys Glu Lys His Arg Asn Met Leu
 515 520 525
 Gln Tyr Gln Leu Pro Ser Ser Leu Ser Ser Leu Ala Arg Ile Phe Ser
 530 535 540
 Ile Leu Ser Gln Ser Lys Lys Arg Leu His Ile Glu Asp Tyr Ser Val
 545 550 555 560
 Ser Gln Thr Thr Leu Asp Gln Val Phe Val Asn Phe Ala Lys Asp Gln
 565 570 575
 Ser Asp Asp Asp His Leu Lys Asp Leu Ser Leu His Lys Asn Gln Thr
 580 585 590
 Val Val Asp Val Ala Val Leu Thr Ser Phe Leu Gln Asp Glu Lys Val
 595 600 605
 Lys Glu Ser Tyr Val
 610

<210> 142

<211> 2214

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

165/175

<221> CDS

<222> (81).. (734)

<400> 142

```

tcctgcaggg ggcaccagag atcttggaca ggcaaaactgc agcccttctg catggaacca 60
tcattcctgga ctgtgtcaac atggacotta aaattggaaa ggcaacccca aaggacagca 120
aataatgtgga gaaactagag gcccttttcc cagacctacc caagagaaat gatatatattg 180
attccctaca aaaggcaaag tttgatgtat caggactgac cactgagcag atgctgagaa 240
aagaccagaa gactatctat agacaaggcg tcaagggtggc cattagtgc atatatatgg 300
atttggagat ctgtgaagtc ctggaacgct cccactctcc acccctgaag ctgaccctg 360
cctcaagtac ccaccotaac ctccatgcct atcttcaagg caacacccag gtctotcgaa 420
agaaaacttct gccctgtctc caggaagccc tgtcagcata ttttgactcc atgaagatcc 480
cttcaggaca gcctgagaca gcagatgtgt ccaggagca agtggacaag gaattggaca 540
gggcaagtaa ctccctgatt tctggcctga gtcaagatga ggaggaccct ccgctgcccc 600
cgacgcccat gaacagcttg gtggatgagt gccctctaga tcaggggctg cctaaactct 660
ctgctgaggg cgtcttcgag aagtgcagtc agatctcact gtcacagtct accacagcct 720
ccctgtccaa gaagtgaactg ttgagaggcg aggaggtagt gggtagaggct acctgactca 780
cttcaaattgc atgttttgag atgtttggag attcagcaat tctgtcttca ttgtccagg 840
atctgtgtata ctgtttcat aaaactgaga ggagaaaaaa agtgaagaa agcagctgct 900
ttaagaatgg tttccacct tttcccccata atctctacca atcagacaca ttttattatt 960
taaatotgoa cctctctota ttttatttgc caggggcacg atgtgacata tctgcagtcc 1020
cagcacagtg ggacaaaaag aatttagacc ccaaaagtgt cctcggcctg gatcttgaac 1080
agaaccagta tctgtcatgg aactgaacat tcctcgatgg totccatgta ttcatttatt 1140
cacttgttca ttcgaattatt tattgaatac ctgcctcaag ctagagagaa aagagagtgc 1200
gctttggaaa tttattccag ttttcagcct acagcagatt atcagctcgg tgacttttct 1260
ttctgccacc atttaggtga tgggttttga ttcagagatg gctgaatttc tattottago 1320
ttattgtgac tgtttcagat ctagtttggg aacagattag aggccattgt cttctgtcct 1380
gatcaggtgg cctggctgtt totttggatc cototgtccc agagccaccc agaaccctga 1440
ctcttgagaa tcaagaaaac acccagaaag gcottaatga cctcataggo actcttccaa 1500
aaagacaaca gaactggaat gagaggcctg ggtctgtctc ctgccttagc aggccctatca 1560
atttcttgtc aatctctttt tttccttgct cacattaaaa ggaagcatgg agttctaattg 1620
ctcccataaa ctatgtattt tggcaagaca cttaactact ccaggcctca ctttcccat 1680
ctgtaaaaca gggtttggac taggtgttcc ctggtattct gtgatctgco tottgctgco 1740
attctttctc tcctctgctt ctctgtattt ttctctgtt atccctgggg gtgctcaggt 1800
tcacttgatt gtctgtattt ctgtgtggtt gtagcaagga ctacgctca ttagcacga 1860
ataggggtgt ggttcatggc gtgtgaccc agcagagcao tccctcccac taacttggtc 1920
tgcatgtgta gactctcccc attttttta acgcaaccct tttccctttt tctaccoca 1980
cagctctgtt ccattgtaagt tgccaacagt ttcactgaac agtggggtat gtgatggtt 2040
tggcatgaca tottcagtat gagggggaca gtttgacttc actttgaggg tgtgatgtct 2100
gtagctatgt ggaaggtaaa aatagtgtg tgatcatgaa ccaaaggaa ttatgtttt 2160
taacttgggt actttatttt gcattttgtt atactattaa ataattttt cctg 2214

```

<210> 143

<211> 218

<212> PRT

<213> Homo sapiens

166/175

<400> 143

```

Met Asp Leu Lys Ile Gly Lys Ala Thr Pro Lys Asp Ser Lys Tyr Val
 1           5           10           15
Glu Lys Leu Glu Ala Leu Phe Pro Asp Leu Pro Lys Arg Asn Asp Ile
          20           25           30
Phe Asp Ser Leu Gln Lys Ala Lys Phe Asp Val Ser Gly Leu Thr Thr
          35           40           45
Glu Gln Met Leu Arg Lys Asp Gln Lys Thr Ile Tyr Arg Gln Gly Val
          50           55           60
Lys Val Ala Ile Ser Ala Ile Tyr Met Asp Leu Glu Ile Cys Glu Val
          65           70           75           80
Leu Glu Arg Ser His Ser Pro Pro Leu Lys Leu Thr Pro Ala Ser Ser
          85           90           95
Thr His Pro Asn Leu His Ala Tyr Leu Gln Gly Asn Thr Gln Val Ser
          100          105          110
Arg Lys Lys Leu Leu Pro Leu Leu Gln Glu Ala Leu Ser Ala Tyr Phe
          115          120          125
Asp Ser Met Lys Ile Pro Ser Gly Gln Pro Glu Thr Ala Asp Val Ser
          130          135          140
Arg Glu Gln Val Asp Lys Glu Leu Asp Arg Ala Ser Asn Ser Leu Ile
          145          150          155          160
Ser Gly Leu Ser Gln Asp Glu Glu Asp Pro Pro Leu Pro Pro Thr Pro
          165          170          175
Met Asn Ser Leu Val Asp Glu Cys Pro Leu Asp Gln Gly Leu Pro Lys
          180          185          190
Leu Ser Ala Glu Ala Val Phe Glu Lys Cys Ser Gln Ile Ser Leu Ser
          195          200          205
Gln Ser Thr Thr Ala Ser Leu Ser Lys Lys
          210          215

```

<210> 144

<211> 1750

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (158).. (1492)

<400> 144

```

acttcgggtc gtgggccatg cggggggcgg gcccggaacc gccacggcta gaagaagtot 60
tcaattccca ggagagccaa agcgtgtctg gccctaggtg ggaaaagaac tggctgtgac 120
ctttgcootg acctggaagg gcccagcctt gggotgaatg gcagcaccca cgcccgcccg 180
tccgggtctg acccacctgc tgggtggctct ctloggcatt ggctcctggg ctgcggtcaa 240
tgggatctgg gtggagctac ctgtgggtgt caaagagctt ccagagggtt ggagcctccc 300
ctcttaagtc totgtgottg tggotctggg gaacctgggt ctgctggtgg tgacctotg 360
gaggaggctg gcccaggaa aggacgagca ggtcccoatc ogggtggtgc aggtgctggg 420

```

167/175

```

catggtgggc acagccctgc tggcctctct gtggcaccat gtggccccag tggcaggaca 480
gttgcaattct gtggccttct tagcaactggc ctttgtgctg gcactggcat gctgtgccto 540
gaatgtcact ttcttgccct tcttgagcca cctgccacct cgcttcttac ggtcattctt 600
cctgggtcaa ggccctgagt ccctgctgcc ctgogtgctg gccctagtgc aggggtgtgg 660
ccgcctcgag tgccccccag ccccatcaa cggcaccctt ggccccccgc tcgacttctt 720
tgagcgtttt cccgccagca ctttctctg ggcaactgact gcccttcttg tcgcttcagc 780
tgctgccttc cagggtcttc tgctgctgtt gccgccacca ccatctgtac ccacagggga 840
gttaggatca ggccctccag tgggagcccc aggagcagag gaagaggtgg aagagtcctc 900
accactgcaa gagccaccaa gccaggcagc aggcaccacc cctggtccag accctaaggc 960
ctatcagctt ctatcagccc gcagtgcctg cctgctgggc ctgttggccg ccaccaacgc 1020
gctgaccaat ggctgtgctg ctgccgtgca gagcttttcc tgcctaccct acgggctgtt 1080
ggcctaccac ctggctgttg tgctgggcag tgcctgcaat cccctggcct gcttcttggc 1140
catgggtgtg ctgtgcaggt ccttggcagg gctgggcggc ctctctctgc tgggogtgtt 1200
ctgtgggggc tacctgatgg cgctggcagt cctgagcccc tgcccggccc tgggtgggac 1260
ctogggcggg gtggtcctog tgggtctgtc gtgggtgctg tgtcttggcg tgttctccta 1320
cgtgaagggt gcagccagct cctgtgtgca tggcgggggc cggccggcat tgcctggcagc 1380
cggcgtggcc atccagggtg gctctctgct cggcgctgtt gctatgttcc ccccgaccag 1440
catctatcac gtgttccaca gcagaaagga ctgtgcagac cctgtgact cctgagcctg 1500
ggcagggtgg gagcccgcto cccaacacct gtotttccct caatgctgcc accatgcctg 1560
agtgcctgca gcccaggagg cccgcacacc ggtacactcg tggacacctc cacactccat 1620
aggagatcct ggctttccag ggtgggcaag ggcaaggagc aggcctggag ccagggacca 1680
gtgggggctg tagggtaaag ccctgagcct gggacctaca tgtggtttgc gtaataaaac 1740
atttgtattt                                     1750

```

<210> 145

<211> 445

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 145

```

Met Ala Ala Pro Thr Pro Ala Arg Pro Val Leu Thr His Leu Leu Val
1      5      10      15
Ala Leu Phe Gly Met Gly Ser Trp Ala Ala Val Asn Gly Ile Trp Val
20      25      30
Glu Leu Pro Val Val Val Lys Glu Leu Pro Glu Gly Trp Ser Leu Pro
35      40      45
Ser Tyr Val Ser Val Leu Val Ala Leu Gly Asn Leu Gly Leu Leu Val
50      55      60
Val Thr Leu Trp Arg Arg Leu Ala Pro Gly Lys Asp Glu Gln Val Pro
65      70      75      80
Ile Arg Val Val Gln Val Leu Gly Met Val Gly Thr Ala Leu Leu Ala
85      90      95
Ser Leu Trp His His Val Ala Pro Val Ala Gly Gln Leu His Ser Val
100     105     110
Ala Phe Leu Ala Leu Ala Phe Val Leu Ala Leu Ala Cys Cys Ala Ser
115     120     125
Asn Val Thr Phe Leu Pro Phe Leu Ser His Leu Pro Pro Arg Phe Leu

```

168/175

130						135						140			
Arg	Ser	Phe	Phe	Leu	Gly	Gln	Gly	Leu	Ser	Ala	Leu	Leu	Pro	Cys	Val
145					150					155					160
Leu	Ala	Leu	Val	Gln	Gly	Val	Gly	Arg	Leu	Glu	Cys	Pro	Pro	Ala	Pro
				165					170						175
Ile	Asn	Gly	Thr	Pro	Gly	Pro	Pro	Leu	Asp	Phe	Leu	Glu	Arg	Phe	Pro
			180					185					190		
Ala	Ser	Thr	Phe	Phe	Trp	Ala	Leu	Thr	Ala	Leu	Leu	Val	Ala	Ser	Ala
		195					200					205			
Ala	Ala	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Pro	Pro	Pro	Pro	Ser	Val	
	210				215					220					
Pro	Thr	Gly	Glu	Leu	Gly	Ser	Gly	Leu	Gln	Val	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala
225					230					235					240
Glu	Glu	Glu	Val	Glu	Glu	Ser	Ser	Pro	Leu	Gln	Glu	Pro	Pro	Ser	Gln
				245					250						255
Ala	Ala	Gly	Thr	Thr	Pro	Gly	Pro	Asp	Pro	Lys	Ala	Tyr	Gln	Leu	Leu
		260						265					270		
Ser	Ala	Arg	Ser	Ala	Cys	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Ala	Ala	Thr	Asn	Ala
		275					280						285		
Leu	Thr	Asn	Gly	Val	Leu	Pro	Ala	Val	Gln	Ser	Phe	Ser	Cys	Leu	Pro
	290					295					300				
Tyr	Gly	Arg	Leu	Ala	Tyr	His	Leu	Ala	Val	Val	Leu	Gly	Ser	Ala	Ala
305					310					315					320
Asn	Pro	Leu	Ala	Cys	Phe	Leu	Ala	Met	Gly	Val	Leu	Cys	Arg	Ser	Leu
			325						330						335
Ala	Gly	Leu	Gly	Gly	Leu	Ser	Leu	Leu	Gly	Val	Phe	Cys	Gly	Gly	Tyr
		340						345					350		
Leu	Met	Ala	Leu	Ala	Val	Leu	Ser	Pro	Cys	Pro	Pro	Leu	Val	Gly	Thr
	355						360					365			
Ser	Ala	Gly	Val	Val	Leu	Val	Val	Leu	Ser	Trp	Val	Leu	Cys	Leu	Gly
	370					375					380				
Val	Phe	Ser	Tyr	Val	Lys	Val	Ala	Ala	Ser	Ser	Leu	Leu	His	Gly	Gly
385					390					395					400
Gly	Arg	Pro	Ala	Leu	Leu	Ala	Ala	Gly	Val	Ala	Ile	Gln	Val	Gly	Ser
			405						410					415	
Leu	Leu	Gly	Ala	Val	Ala	Met	Phe	Pro	Pro	Thr	Ser	Ile	Tyr	His	Val
		420						425					430		
Phe	His	Ser	Arg	Lys	Asp	Cys	Ala	Asp	Pro	Cys	Asp	Ser			
	435						440					445			

<210> 146

<211> 2291

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

169/175

<222> (132): (740)

<400> 146

```

ataatccaca cctactactc aatacctcag aaaatcttgc cttccctaata aatgttgaac 60
cagttacaaa tcatttttatt acacagtggc ttaatgatgt tgaactgttc ttggggcttc 120
atgacagaaa gatgtgtgtt ctgggactct gtgctcttat tgatatggaa cagatacccc 180
aagttttaaa tcaggtttct ggacagattt igccggcttt tatcctttta tttaacggat 240
tgaaaagagc atatgcctgc catgcagAAC atgagaatga cagtgatgat gatgatgaag 300
ctgaagatga tgatgaaacc gaggaactgg ggagtgatga agatgatatt gatgaagatg 360
ggcaagaata tttggagatt ctggctaagc aggcgtggtga agatggagat gatgaagatt 420
gggaagaaga tgatgctgaa gagactgctc tggaaggcta ttccacaatc attgatgatg 480
aagatacccc tgttgatgag tatcagatat ttaaagotat ctttcaaaact attcaaaaatc 540
gtaatcctgt gtggtatcag gogctgactc acggtcttaa tgaagaacaa agaaaacagt 600
tacaggacat agcaactctg gctgatcaaa gaagagcagc ccatgaatcc aaaatgattg 660
agaagcatgg aggatacaaa ttcagtgtc cagttgtgcc aagtctttc aattttggag 720
gcccagcacc agggatgaat tgagttatct ctttctttcc tgotgtgtgc ttgtagtga 780
gagcttgtgt tcctcctagt agtggttcca gaactgggtc atgttatcta ttotaaacta 840
ataatcaata gatggacaaa agaaacaaca accccaggag atgggacctg atcatgcaac 900
ctggcactgg aaaagaaatc agcgggattt tgggggtggg ggggatggga ggtaccttag 960
agggagtatt ttctttattt tttgaagaaa gtaagatcct gactctgaag cttcaaagtg 1020
acactgtgga aatctgaaac gaggggatgt catgaaggca gcttttcttt ttctgaggaa 1080
aaaataggca tgggctacag gactatttaa aatgtctcat ttacagtata aaactcaaag 1140
gtagatgtaa tttttacacc tatgagtatt tgtccaattt ctgtctcttc ctccaccattg 1200
ggtatctatt ctttatatgt aaataagata aggtcatctg atagccttat tcagttotca 1260
tcattttcat cattgttccat atgtagatta ttggacattt attgtagcac tacataactg 1320
attataaaaa tctgtaaattg aattagcact ttcattattga aacaagcctg ctagcctatg 1380
tataaaatag caaaatgttt gctgtttata aaaagatgta atgggggtggg gggcaggggt 1440
aatttcaagt tattaattta aaaatgaact agcaattttg tacctgggtga ctttgtgtgtg 1500
cactcacctc tgatagtgaac ttgaattcgg tatgtaaaaa ggggttagtg gtatttcatt 1560
gctgctaaaa atgacaactc cctctgtgtc ctgtttttct taaagctgtc agtgtacaag 1620
tggttatttg aataccagac cttactgtaa aaaataaaaa aggtggtatc tagagcatgt 1680
aaattggata taaagttctg ctcttaaaga gttgatctaa gagtatggct aaacatctat 1740
atatgcaatc tattaaaaga acttaattcg gctattatgt cttgatttga ttgcagtttt 1800
ttcctaatta taacaaattt ttctcattg gcctgttttt aatcctgtgc ctagaaggag 1860
tacaaaatgc aacttttaca aaattgatat ttaacactta cccactcccc ttccccatc 1920
tcttctaccg ctcttggtga tctgtgtatc tgatcttgac tagataggct gaaggcacat 1980
ggttccctcc aaaaaccact attgatacca ctacaaaaac aagccagcaa aaagatactg 2040
tagagagggt ggcttgcttc cctctcttcc taactgcatg ttgaaaaata agccgttatt 2100
gatcttaaac atcggtcaga tgagtcatac attgggttat tttttatata catgtatata 2160
caaaatattt caaattgaaa gcaacatctt aatggattca aaactattac aagctgttgt 2220
ctaaaaacagg tgagaaaaaa atttataact gtaaaaaaaa atgcacatat tgatatttaa 2280
aatgcgtaatt t 2291

```

<210> 147

<211> 203

<212> PRT

<213> Homo sapiens

170/175

<400> 147

```

Met Cys Val Leu Gly Leu Cys Ala Leu Ile Asp Met Glu Gln Ile Pro
 1          5          10          15
Gln Val Leu Asn Gln Val Ser Gly Gln Ile Leu Pro Ala Phe Ile Leu
 20          25          30
Leu Phe Asn Gly Leu Lys Arg Ala Tyr Ala Cys His Ala Glu His Glu
 35          40          45
Asn Asp Ser Asp Asp Asp Asp Glu Ala Glu Asp Asp Asp Glu Thr Glu
 50          55          60
Glu Leu Gly Ser Asp Glu Asp Asp Ile Asp Glu Asp Gly Gln Glu Tyr
 65          70          75          80
Leu Glu Ile Leu Ala Lys Gln Ala Gly Glu Asp Gly Asp Asp Glu Asp
 85          90          95
Trp Glu Glu Asp Asp Ala Glu Glu Thr Ala Leu Glu Gly Tyr Ser Thr
100          105          110
Ile Ile Asp Asp Glu Asp Asn Pro Val Asp Glu Tyr Gln Ile Phe Lys
115          120          125
Ala Ile Phe Gln Thr Ile Gln Asn Arg Asn Pro Val Trp Tyr Gln Ala
130          135          140
Leu Thr His Gly Leu Asn Glu Glu Gln Arg Lys Gln Leu Gln Asp Ile
145          150          155          160
Ala Thr Leu Ala Asp Gln Arg Arg Ala Ala His Glu Ser Lys Met Ile
165          170          175
Glu Lys His Gly Tyr Lys Phe Ser Ala Pro Val Val Pro Ser Ser
180          185          190
Phe Asn Phe Gly Gly Pro Ala Pro Gly Met Asn
195          200

```

<210> 148

<211> 2148

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (64).. (1812)

<400> 148

```

gcgtgaagcg cggacctttc aacaagggtt ttattaattc tcacgtgog gccccggaaa 60
gcgatggagg tggcgggtaa ttgtcccta cgggtgaaga gacctctgtt ggatccccgc 120
ttcgagggtt acaagctotc tcttgagcog ctgccttgtt accagctgga gcttgacgca 180
gctgtggcag aggtaaaact tcgagatgat caatatacac tggaacacat gcatgctttt 240
ggaatgtata attacctgca ctgtgattca tggatcaag acagtgtcta ctatattgat 300
acccttggaa gaattatgaa ttaaacagta atgctggaca ctgccttagg aaaaccaaga 360
gaggtgtttc gacttcctac agatttgaca gcatgtgaca accgtctttg tgcattctatc 420
catttctcat cttctacctg ggttaccttg tcagatggaa ctggaagatt gtatgtcatt 480

```

171/175

```

ggaacagggtg aacgtggaaa tagcgcttct gaaaaatggg agattatgtt taatgaagaa 540
cttgggggac cttttattat aattcacagt atctcactgc taaatgctga agaacattct 600
atagctaccc tacttcttcg aatagagaaa gaggaattgg atatgaaagg aagtggtttc 660
tatgtttctc tggagtgggt cactatcagt aagaaaaatc aagataataa aaaatatgaa 720
attattaagc gtgatattct ccgtggaaaag tcagtgccac attatgctgc tattgagcct 780
gatggaaatg gtctaattgat tgtatcctac aagtctttta catttgttca ggctgggtcaa 840
gatcttgaag aaaatatgga tgaagacata tcagagaaaa tcaaagaacc tctgtattac 900
tggcaacaga ctgaagatga tttgacagta accatacggc ttccagaaga cagtactaag 960
gaggacattc aaatacagtt tttgcctgat cacatcaaca ttgtactgaa ggatcaccag 1020
tttttagaag gaaaaotcta ttcactctatt gatcatgaaa gcagtacatg gataattaaa 1080
gagagtaata gcttggagat ttcttggatt aagaagaatg aaggactgac ctggccagag 1140
ctagtaattg gagataaaca aggggaactt ataagagatt cagcccagtg tgcgtcaata 1200
gctgaacgtt tgatgcattt gacctctgaa gaactgaatc caaatccaga taaagaaaaa 1260
ccaccttgca gtgtcgaaga gttagaagaa tgtgatattt ttttgaaga gagctccagt 1320
ttatgcagat ttgatggcaa tacattaaaa actactcatg tggatgaatc tggaagcaac 1380
cagtaccttt tctctgtcat agtggatcct aaagaaatgc cctgcttctg tttgcgccat 1440
gatgttgatg cctactctg gcaaccacac tccagcaaac aagatgatat gtgggagcac 1500
atcgcaactt tcaatgcttt aggtatgtc caagcatcaa agagagacaa aaaatttttt 1560
gootgtgctc caaattactc gtatgcagcc ctttgtgagt gccttcgtcg agtattcatc 1620
tatcgtcagc ctgctcccat gtccactgta ctttacaaca gaaaggaagg caggcaagta 1680
ggacagggtg ctaagcagca agtagcaagc ctagaaacca atgatcctat tttaggattt 1740
caggcaacaa atgagagatt atttgttctt actaccaaaa acctcttttt aataaaaagta 1800
aatacagaga attaattatt ctaacatatt ggctctttg tactggaaaa gtattcagt 1860
gtacctggag gtctggacag ttatactgta acctcttaag ttttaatgtg ctaaatatat 1920
cttgtatgat tttttatttt ttaataacat tggaaatata ttcaagagat tatgattctg 1980
taaagctgtg gaatgaagct gcagatttag agaacattgg cttctgaaaa aaaaaaagag 2040
tgaagatagt actagcaagt ataacttattt tttaaaacag gctagaatct catgttttat 2100
atgaaagatg tacaattcag tgtttaaaaa taaaaatatt tatttgtt 2148

```

<210> 149

<211> 583

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 149

```

Met Glu Val Ala Ala Asn Cys Ser Leu Arg Val Lys Arg Pro Leu Leu
  1           5           10           15
Asp Pro Arg Phe Glu Gly Tyr Lys Leu Ser Leu Glu Pro Leu Pro Cys
  20           25           30
Tyr Gln Leu Glu Leu Asp Ala Ala Val Ala Glu Val Lys Leu Arg Asp
  35           40           45
Asp Gln Tyr Thr Leu Glu His Met His Ala Phe Gly Met Tyr Asn Tyr
  50           55           60
Leu His Cys Asp Ser Trp Tyr Gln Asp Ser Val Tyr Tyr Ile Asp Thr
  65           70           75           80
Leu Gly Arg Ile Met Asn Leu Thr Val Met Leu Asp Thr Ala Leu Gly
  85           90           95

```

172/175

Lys Pro Arg Glu Val Phe Arg Leu Pro Thr Asp Leu Thr Ala Cys Asp
 100 105 110
 Asn Arg Leu Cys Ala Ser Ile His Phe Ser Ser Ser Thr Trp Val Thr
 115 120 125
 Leu Ser Asp Gly Thr Gly Arg Leu Tyr Val Ile Gly Thr Gly Glu Arg
 130 135 140
 Gly Asn Ser Ala Ser Glu Lys Trp Glu Ile Met Phe Asn Glu Glu Leu
 145 150 155 160
 Gly Asp Pro Phe Ile Ile Ile His Ser Ile Ser Leu Leu Asn Ala Glu
 165 170 175
 Glu His Ser Ile Ala Thr Leu Leu Leu Arg Ile Glu Lys Glu Glu Leu
 180 185 190
 Asp Met Lys Gly Ser Gly Phe Tyr Val Ser Leu Glu Trp Val Thr Ile
 195 200 205
 Ser Lys Lys Asn Gln Asp Asn Lys Lys Tyr Glu Ile Ile Lys Arg Asp
 210 215 220
 Ile Leu Arg Gly Lys Ser Val Pro His Tyr Ala Ala Ile Glu Pro Asp
 225 230 235 240
 Gly Asn Gly Leu Met Ile Val Ser Tyr Lys Ser Leu Thr Phe Val Gln
 245 250 255
 Ala Gly Gln Asp Leu Glu Glu Asn Met Asp Glu Asp Ile Ser Glu Lys
 260 265 270
 Ile Lys Glu Pro Leu Tyr Tyr Trp Gln Gln Thr Glu Asp Asp Leu Thr
 275 280 285
 Val Thr Ile Arg Leu Pro Glu Asp Ser Thr Lys Glu Asp Ile Gln Ile
 290 295 300
 Gln Phe Leu Pro Asp His Ile Asn Ile Val Leu Lys Asp His Gln Phe
 305 310 315 320
 Leu Glu Gly Lys Leu Tyr Ser Ser Ile Asp His Glu Ser Ser Thr Trp
 325 330 335
 Ile Ile Lys Glu Ser Asn Ser Leu Glu Ile Ser Leu Ile Lys Lys Asn
 340 345 350
 Glu Gly Leu Thr Trp Pro Glu Leu Val Ile Gly Asp Lys Gln Gly Glu
 355 360 365
 Leu Ile Arg Asp Ser Ala Gln Cys Ala Ala Ile Ala Glu Arg Leu Met
 370 375 380
 His Leu Thr Ser Glu Glu Leu Asn Pro Asn Pro Asp Lys Glu Lys Pro
 385 390 395 400
 Pro Cys Ser Ala Gln Glu Leu Glu Glu Cys Asp Ile Phe Phe Glu Glu
 405 410 415
 Ser Ser Ser Leu Cys Arg Phe Asp Gly Asn Thr Leu Lys Thr Thr His
 420 425 430
 Val Val Asn Leu Gly Ser Asn Gln Tyr Leu Phe Ser Val Ile Val Asp
 435 440 445
 Pro Lys Glu Met Pro Cys Phe Cys Leu Arg His Asp Val Asp Ala Leu
 450 455 460
 Leu Trp Gln Pro His Ser Ser Lys Gln Asp Asp Met Trp Glu His Ile
 465 470 475 480

173/175

Ala Thr Phe Asn Ala Leu Gly Tyr Val Gln Ala Ser Lys Arg Asp Lys
 485 490 495
 Lys Phe Phe Ala Cys Ala Pro Asn Tyr Ser Tyr Ala Ala Leu Cys Glu
 500 505 510
 Cys Leu Arg Arg Val Phe Ile Tyr Arg Gln Pro Ala Pro Met Ser Thr
 515 520 525
 Val Leu Tyr Asn Arg Lys Glu Gly Arg Gln Val Gly Gln Val Ala Lys
 530 535 540
 Gln Gln Val Ala Ser Leu Glu Thr Asn Asp Pro Ile Leu Gly Phe Gln
 545 550 555 560
 Ala Thr Asn Glu Arg Leu Phe Val Leu Thr Thr Lys Asn Leu Phe Leu
 565 570 575
 Ile Lys Val Asn Thr Glu Asn
 580

<210> 150

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 150

agcaucgagu cggccuuguu ggccuacugg

30

<210> 151

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 151

gcggctgaag acggcctatg tggccttttt tttttttttt tt

42

<210> 152

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

174/175

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 152

agcatogagt cggccttggt g

21

<210> 153

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 153

gaggctgaag acggcctatg t

21

<210> 154

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 154

tacggaagtg ttacttctgc

20

<210> 155

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 155

tgtgggaggt tttttctcta

20

<210> 156

<211> 17

175/175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 156

gttttcccag tcacgac

17

<210> 157

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized sequence

<400> 157

caggaaacag ctatgac

17

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/05063

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02,
C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02,
C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
GenBank/EMBL/DBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq, MEDLINE (STN)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO, 98/37094, A2 (GENETICS INST. INC.), 27 August, 1998 (27.08.98) & AU, 9863373, A & EP, 971950, A2	1-13
P, X	WO, 99/55858, A2 (METAGEN GES. GENOMFORSCHUNG MBH), 04 November, 1999 (04.11.99) & DE, 19820190, A1	1-13
P, X	SUZUKI Y. et al., "Statistical analysis of the 5' untranslated region of human mRNA using "Oligo-Capped" cDNA libraries", Genomics (March 2000) Vol.64, No.3, pp.286-297	1-13

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not

considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing

date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is

cited to establish the publication date of another citation or other

special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other

means

"P" document published prior to the international filing date but later

than the priority date claimed

"I" later document published after the international filing date or

priority date and not in conflict with the application but cited to

understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be

considered novel or cannot be considered to involve an inventive

step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be

considered to involve an inventive step when the document is

combined with one or more other such documents, such

combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
19 October, 2000 (19.10.00)

Date of mailing of the international search report
31 October, 2000 (31.10.00)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/05063

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

The inventions as set forth in claims 1 to 13 are classified into 75 groups of inventions, i.e., inventions relating to DNA containing the base sequences represented in SEQ ID NOS : 1, 3, 5, 7, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, 66, 68, 70, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146 and 148 (each corresponding to a part of claims 1 to 13) and these groups of inventions are not considered as relating to a group of inventions so linked as to form a single general inventive concept.

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
Inventions relating to DNA containing the base sequence represented by SEQ ID NO:1 as set forth in claims 1 to 13.

Remark on Protest ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))		
Int. Cl ⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02, C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68		
B. 調査を行った分野		
調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))		
Int. Cl ⁷ C12N 15/12, C07K 14/47, C12N 5/10, C12N 1/21, C12N 1/19, C12P 21/02, C07K 16/18, G01N 33/53, G01N 33/577, C12Q 1/02, C12Q 1/68		
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの		
国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)		
GenBank/EMBL/DBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq, MEDLINE (STN)		
C. 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	WO, 98/37094, A2 (GENETICS INST. INC.) 27. 8月. 1998 (27. 08. 98) & AU, 9863373, A & EP, 971950, A2	1-13
P, X	WO, 99/55858, A2 (METAGEN GES. GENOMFORSCHUNG MBH) 4. 11月. 1999 (04. 11. 99) & DE, 19820190, A1	1-13
P, X	SUZUKI, Y. et al. "Statistical analysis of the 5' untranslated region of human mRNA using "Oligo-Capped" cDNA libraries", Genomics (2000. Mar.) Vol. 64, No. 3, p. 286-297	1-13
<input type="checkbox"/> C欄の続きにも文献が列挙されている。 <input type="checkbox"/> パテントファミリーに関する別紙を参照。		
* 引用文献のカテゴリー 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの 「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの 「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す) 「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願日の後に公表された文献 「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの 「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの 「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの 「&」 同一パテントファミリー文献		
国際調査を完了した日	国際調査報告の発送日	
19. 10. 00	31.10.00	
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/J P) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 高堀 栄二	4 B 9 2 8 1
	電話番号 03-3581-1101 内線 3448	

第I欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見 (第1ページの2の続き)

法第8条第3項 (PCT 17条(2)(a)) の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 _____ は、この国際調査機関が調査することを要しない対象に係るものである。つまり、
2. ☐ 請求の範囲 _____ は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
3. ☐ 請求の範囲 _____ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

第II欄 発明の単一性が欠如しているときの意見 (第1ページの3の続き)

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるとこの国際調査機関は認めた。

請求の範囲1-13に記載された発明は、配列番号1、3、5、7、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148に記載の塩基配列を含むDNAに係る発明群 (それぞれ請求の範囲1-13の一部) の75の発明群に区分され、当該発明群が単一の一般的発明概念を形成するように連関している一群の発明であるとは認められない。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☐ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☒ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったので、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。

請求の範囲1-13の配列番号1に記載の塩基配列を含むDNAに係る発明

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。